

СИБИРСКИЙ ЖУРНАЛ ИНДУСТРИАЛЬНОЙ МАТЕМАТИКИ

РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ

Главный редактор	В. Л. Береснев
Зам. главного редактора	А. Л. Карчевский
Отв. секретарь	В. А. Дедок

Журнал основан в 1998 году
Выходит 4 раза в год
Том 25, №3(91)
Июль - сентябрь 2022 г.

ЧЛЕНЫ РЕДКОЛЛЕГИИ

Г. В. Алексеев	С. Б. Медведев
Б. Д. Аннин	Р. Г. Новиков
В. С. Белоносов	Д. Е. Пальчунов
В. Н. Белых	П. И. Плотников
Ю. С. Волков	В. Г. Романов
В. П. Ильин	Е. М. Рудой
С. И. Кабанихин	В. М. Садовский
А. Н. Карапетянц	Д. И. Свириденко
М. В. Клибанов	А. С. Терсенов
С. С. Кутателадзе	В. С. Тимофеев
В. А. Левин	В. В. Шайдуров
Н. И. Макаренко	

СОДЕРЖАНИЕ

Данилин А. Р., Шабуров А. А. Асимптотическое разложение решения задачи оптимального управления с интегральным выпуклым критерием качества и дешёвым управлением	5
Дурдиев Д. К., Меражова Ш. Б. Обратная задача для двумерного уравнения смешанного парабола-гиперболического типа в цилиндрической области	14
Иванов В. В. Притягивающий предельный цикл модели нечётномерной кольцевой генной сети	25
Имомназаров Б. Х., Имомназаров Ш. Х., Маматкулов М. М., Худайназаров Б. Б. Фундаментальное решение для стационарного уравнения двухскоростной гидродинамики с равновесием фаз по давлению в диссипативном приближении	33
Ковалёв М. Д. О геометрическом определении шарнирного механизма, теореме Кемпе и перезрелой математике	41
Куликов И. М., Черных И. Г., Ульяничев И. С., Тутуков А. В. Математическое моделирование ядерного горения углерода в белых карликах с использованием 7-изотопной сети реакций	55
Купцова Е. В. Осциллятор Ван дер Поля под действием случайного шума	67
Лазарева Г. Г., Максимова А. Г. Численное моделирование распространения паров вольфрама над нагреваемой поверхностью	81
Мамажонов М., Шерматова Х. М. Об одной краевой задаче для уравнения третьего порядка парабола-гиперболического типа в треугольной области с тремя линиями изменения типа уравнения	93
Минаков А. В., Лобасов А. С., Шебелев А. В., Зайцев Д. В., Кабов О. А. Режимы течения плёнки жидкости, увлекаемой потоком газа в плоском горизонтальном канале, в изотермических условиях	104
Митрофанов Г. М., Карчевский А. Л. Математическое моделирование для тонкослоистых упругих сред в сейсморазведке	120
• Перцев Н. В., Топчий В. А., Логинов К. К. Численное стохастическое моделирование динамики взаимодействующих популяций	135
Романов В. Г., Бугуева Т. В. Задача об определении коэффициента при нелинейном члене квазилинейного волнового уравнения	154
Старовойтов В. Н., Старовойтова Б. Н. Усреднённая математическая модель периферической упругой структуры, насыщенной жидкостью Максвелла	170

НОВОСИБИРСК

ИЗДАТЕЛЬСТВО ИНСТИТУТА МАТЕМАТИКИ

УДК 519.24:51-76

**ЧИСЛЕННОЕ СТОХАСТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ
ДИНАМИКИ ВЗАИМОДЕЙСТВУЮЩИХ ПОПУЛЯЦИЙ**© 2022 Н. В. Перцев^a, В. А. Топчий^b, К. К. Логинов^c*Институт математики им. С. Л. Соболева СО РАН,
просп. Акад. Коптюга, 4, г. Новосибирск 630090, Россия*E-mails: ^ahomlab@ya.ru, ^btopchij@gmail.com, ^ckloginov85@mail.ruПоступила в редакцию 11.01.2022 г.; после доработки 11.01.2022 г.;
принята к публикации 13.01.2022 г.

Рассматривается непрерывно-дискретная стохастическая модель динамики популяций взаимодействующих индивидуумов. Модель интерпретируется как многомерный случайный процесс для численности различных популяций. Описание модели основано на комбинации как марковского подхода для притоков индивидуумов из внешнего источника, гибели индивидуумов под влиянием естественных причин, взаимодействия индивидуумов, влекущих их одновременную гибель, превращения и порождения потомства в различных популяциях, так и наличия немарковских ограничений на длительность пребывания индивидуумов в некоторых популяциях. Приведено формальное теоретико-вероятностное описание модели, учитывающее текущее состояние популяций и предысторию их развития. Представлен алгоритм прямого статистического моделирования динамики компонент построенного случайного процесса. На основе алгоритма проведено численное исследование стадия-зависимой стохастической модели эпидемического процесса.

Ключевые слова: динамика популяций, развитие зависящих от прошлого популяций, непрерывно-дискретный случайный процесс, метод Монте-Карло, стадия-зависимая модель, эпидемиология.

DOI: 10.33048/SIBJIM.2022.25.312

Методы стохастического моделирования динамики популяций используют различный математический аппарат, в том числе теорию случайных процессов рождения и гибели, ветвящихся случайных процессов и их различные модификации. Фундаментальные основы непрерывно-дискретных стохастических моделей динамики популяций приведены в [1–5]. Одно из современных направлений в разработке стохастических моделей динамики популяций связано с так называемыми возраст-зависимыми и стадия-зависимыми моделями. Особенностью таких моделей является учёт возраста индивидуумов, промежуточных стадий развития индивидуумов, формирования потомства при прохождении индивидуумом одной или нескольких стадий развития и т. д. Примеры стохастических стадия-зависимых и возраст-зависимых моделей представлены в [6–12].

Настоящая статья продолжает и обобщает исследования [13–17], посвящённые разработке стадия-зависимых стохастических моделей и алгоритмов численного моделирования динамики популяций с учётом взаимодействия индивидуумов. Специфика представленной ниже модели проявляется в том, что интенсивности миграционных притоков, рождения и гибели индивидуумов заданы в виде констант, линейных и нелинейных функций от текущей численности популяций, а длительности пребывания индивидуумов в некоторых популяциях являются ограниченными.

Работа выполнена в рамках государственного задания ИМ СО РАН (проект FWNF-2022-0003) и при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 20-04-60157).

Ограниченность длительности пребывания индивидуумов в некоторых из популяций учитывается в структуре изучаемого сообщества индивидуумов. Все популяции представлены в виде двух групп. Индивидуумы, входящие в конкретную популяцию первой группы, имеют однотипное параметрическое описание, но различаются между собой по времени поступления в популяцию и по максимально допустимому времени завершения пребывания в этой популяции. Во вторую группу входят популяции, индивидуумы которых считаются неразличимыми в рамках конкретной популяции и имеют однотипное параметрическое описание, специфическое для каждой из популяций этой группы. Ограниченность длительности пребывания индивидуумов в популяциях первой группы приводит к необходимости учёта предыстории развития популяций этой группы и исключает применение марковских моделей, переменные которых представлены только текущей численностью популяций. Для решения этой проблемы в [13–17] в рамках конкретных моделей использован подход, в котором индивидуумы популяций первой группы задаются с помощью уникальных типов. Уникальный тип индивидуума обусловлен его принадлежностью к конкретной популяции, моментом времени поступления индивидуума в популяцию и максимально допустимой длительностью его пребывания в популяции до последующего изменения в «судьбе» индивидуума. Семейства уникальных типов индивидуумов отражают в явной форме предысторию развития популяций. Применение этих семейств даёт возможность описать закон изменения текущего состояния популяций, опираясь на процессы, происходящие с индивидуумами не только в текущий, но и в предшествующие моменты времени.

В задачи работы входит: 1) формулировка постулатов стадия-зависимой стохастической модели, 2) вероятностная формализация модели, 3) разработка алгоритма численного моделирования на основе метода Монте-Карло, 4) применение стадия-зависимой стохастической модели для численного исследования и интерпретации динамики эпидемического процесса.

1. ОБОЗНАЧЕНИЯ И СТРУКТУРА МОДЕЛИ

1.1. Пусть имеется развивающееся во времени сообщество индивидуумов, состоящее из популяций $A_1, \dots, A_k, \dots, A_m$, где k, m — фиксированные натуральные числа, $k < m$, $m \geq 2$. Примем, что символ \mathcal{A} означает некоторого или произвольно выбранного индивидуума любой популяции, а символ \mathcal{A}_i — некоторого или произвольно выбранного индивидуума популяции A_i , $1 \leq i \leq m$. Полагаем, что развитие сообщества индивидуумов в течение определённого периода определяется следующим набором событий. Популяции могут пополняться новыми индивидуумами \mathcal{A} из внешнего источника. Индивидуум \mathcal{A}_i может погибнуть вследствие естественных причин, не оставляя потомства. Индивидуум \mathcal{A}_i может самостоятельно или в результате взаимодействия с одним или несколькими индивидуумами $\mathcal{A} \notin A_i$ породить некоторую совокупность индивидуумов других популяций, причём индивидуум \mathcal{A}_i и (или) участвующие во взаимодействии индивидуумы \mathcal{A} могут сохраниться или погибнуть.

Индивидуумы \mathcal{A} популяций A_1, \dots, A_k имеют ограничения на длительность пребывания в этих популяциях. Индивидуум \mathcal{A}_i , завершающий своё пребывание в популяции A_i , $1 \leq i \leq k$, может породить некоторую совокупность индивидуумов других популяций.

Обозначим:

N_0^m — множество m -мерных векторов $\eta = (\eta_1, \dots, \eta_m)$ с неотрицательными целочисленными компонентами, полагая, что $\|\eta\| = \sum_{i=1}^m \eta_i$;

$\Gamma_+ \subset N_0^m$ — множество векторов $\gamma = (\gamma_1, \dots, \gamma_m) \in N_0^m$, компоненты которых принимают значения 0, 1 и $\|\gamma\| \neq 0$;

$B_k \subset N_0^m$ — множество векторов $\alpha = (\alpha_1, \dots, \alpha_k, \dots, \alpha_m) \in N_0^m$, первые k компонент которых принимают значения 0, 1;

$B_{k,i} \subset B_k$ — множество векторов $\beta = (\beta_1, \dots, \beta_i, \dots, \beta_k, \dots, \beta_m) \in B_k$ таких, что компонента $\beta_i = 0$ и $\|\beta\| \neq 0$, $1 \leq i \leq k$.

Положим, что выражение $\Phi_\eta = \eta_1 A_1 + \dots + \eta_m A_m$ означает совокупность индивидуумов, состоящую из η_1 индивидуумов A_1 популяции A_1, \dots, η_m индивидуумов A_m популяции A_m , где $\eta = (\eta_1, \dots, \eta_m) \in N_0^m$.

Пусть $\gamma \in \Gamma_+, \alpha \in B_k, \beta \in B_{k,i}$ для некоторого $1 \leq i \leq k$. Введём совокупности индивидуумов $U_\gamma, V_\alpha, W_\beta$, интерпретируемые следующим образом. Примем, что $U_\gamma = \gamma_1 A_1 + \dots + \gamma_m A_m$ в случае $\|\gamma\| = n \geq 2$ означает совокупность взаимодействующих между собой индивидуумов. Компоненты $\gamma_{\nu_1} = \dots = \gamma_{\nu_n} = 1$ вектора γ задают номера $1 \leq \nu_1, \dots, \nu_n \leq m$ различных популяций, индивидуумы которых $A_{\nu_1}, \dots, A_{\nu_n}$ участвуют во взаимодействии (по одному индивидууму из перечисленных популяций). Если $\|\gamma\| = 1$, то совокупность U_γ содержит только одного индивидуума A_ν популяции A_ν , номер которой задаёт компонента $\gamma_\nu = 1, 1 \leq \nu \leq m$.

Под $V_\alpha = \alpha_1 A_1 + \dots + \alpha_m A_m$ понимается совокупность индивидуумов, которая возникает как результат взаимодействия индивидуумов, входящих в U_γ , или как результат порождения совокупности индивидуумов за счёт отдельно взятого индивидуума, образующего совокупность U_γ . Совокупность V_α включает не более чем по одному индивидууму A_1, \dots, A_k популяций A_1, \dots, A_k и может включать сразу несколько индивидуумов A_{k+1}, \dots, A_m каждой из популяций A_{k+1}, \dots, A_m .

Под $W_\beta = \beta_1 A_1 + \dots + \beta_m A_m$ понимается совокупность индивидуумов, которая возникает вместо индивидуума A_i в результате завершения его пребывания в популяции A_i . Совокупность W_β включает не более чем по одному индивидууму $A_1, \dots, A_{i-1}, A_{i+1}, \dots, A_k$ популяций $A_1, \dots, A_{i-1}, A_{i+1}, \dots, A_k$, может включать сразу несколько индивидуумов A_{k+1}, \dots, A_m каждой из популяций A_{k+1}, \dots, A_m и не содержит ни одного индивидуума A_i популяции A_i .

Пусть далее вещественная переменная t означает время, $(t; t+h)$ представляет собой бесконечно малый промежуток времени, $h \rightarrow +0$.

1.2. Введём набор постулатов, определяющих динамику популяций A_1, \dots, A_m . Обозначим через $X(t) = (x_1(t), \dots, x_m(t))$ численность популяций A_1, \dots, A_m в момент времени t . Зафиксируем t и положим, что $X(t) = X = (x_1, \dots, x_m) \in N_0^m$ — некоторый заданный вектор. Полагаем, что каждое из событий, происходящих с индивидуумами A_1, \dots, A_m или совокупностями U_γ этих индивидуумов в рамках приведённых ниже постулатов, выполняется независимо от поведения и свойств остальных индивидуумов A , существующих в момент времени t .

Н1. В течение промежутка $(t; t+h)$ с вероятностью $\rho_i h + o(h)$ из внешнего источника в популяцию A_i поступает один индивидуум A_i ; вероятность поступления из внешнего источника в популяцию A_i более одного индивидуума A_i равна $o(h)$, популяция A_i не пополняется из внешнего источника с вероятностью $1 - \rho_i h + o(h), 1 \leq i \leq m$. Константы $\rho_i \geq 0$ таковы, что $\sum_{i=1}^m \rho_i > 0$. Константу ρ_i назовём интенсивностью поступления индивидуумов в популяцию A_i из внешнего источника, $1 \leq i \leq m$.

Н2. В течение промежутка $(t; t+h)$ один из индивидуумов A_i популяции A_i погибает с вероятностью $\lambda_i x_i h + o(h)$ вследствие естественных причин, не оставляя потомства, вероятность гибели более одного индивидуума из A_i вследствие естественных причин равна $o(h)$, популяция A_i сохраняется (нет гибели индивидуумов этой популяции вследствие естественных причин) с вероятностью $1 - \lambda_i x_i h + o(h)$, где $\lambda_i > 0, 1 \leq i \leq m$. Константу λ_i назовём интенсивностью естественной смертности отдельных индивидуумов популяции $A_i, 1 \leq i \leq m$. Погибший индивидуум A_i исключается из существующих в текущий момент индивидуумов популяции A_i равновозможно, $1 \leq i \leq m$.

Н3. Введём набор векторов $\Gamma_\ell = \{\gamma^{(1)}, \dots, \gamma^{(\ell)}\} \subset \Gamma_+$ и набор положительных вещественных констант (r_1, \dots, r_ℓ) , где ℓ — некоторое натуральное число. Пусть $1 \leq j \leq \ell$. Положим, что вектор $\gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell$ определяет состав совокупности индивидуумов $U_{\gamma^{(j)}}$, а функция

$$\sigma_j(X) = \prod_{i=1, \gamma_i^{(j)}=1}^m x_i$$

задаёт количество возможных вариантов формирования $U_{\gamma(j)}$ в зависимости от численности популяций X .

Примем, что $\|\gamma^{(j)}\| \geq 2$. В течение промежутка $(t; t+h)$ с вероятностью $r_j \sigma_j(X)h + o(h)$ осуществляется взаимодействие индивидуумов одной совокупности $U_{\gamma(j)}$, взаимодействие индивидуумов этой совокупности не происходит с вероятностью $1 - r_j \sigma_j(X)h + o(h)$; вероятность осуществления взаимодействия индивидуумов более одной совокупности $U_{\gamma(j)}$ за промежуток $(t; t+h)$ равна $o(h)$. Константу r_j будем называть интенсивностью взаимодействия индивидуумов, образующих совокупность $U_{\gamma(j)}$.

Примем, что $\|\gamma^{(j)}\| = 1$. Тогда индивидуум, отдельно входящий в $U_{\gamma(j)}$, в течение промежутка $(t; t+h)$ порождает некоторую совокупность индивидуумов с вероятностью $r_j \sigma_j(X)h + o(h)$, не порождает никакой совокупности индивидуумов с вероятностью $1 - r_j \sigma_j(X)h + o(h)$; вероятность порождения за промежуток $(t; t+h)$ новых совокупностей индивидуумов двумя и более совокупностями $U_{\gamma(j)}$, состоящими из отдельных индивидуумов, равна $o(h)$. Константу r_j будем называть интенсивностью производства совокупности новых индивидуумов за счёт индивидуума, образующего совокупность $U_{\gamma(j)}$.

В результате осуществления взаимодействия индивидуумов или порождения новой совокупности индивидуумов за счёт отдельно взятого индивидуума исходная совокупность $U_{\gamma(j)}$ превращается в совокупность V_α , следуя закону распределения

$$0 \leq f_j(\alpha) \leq 1, \quad \alpha \in B_k, \quad f_j(\gamma^{(j)}) = 0, \quad \sum_{\alpha \in B_k} f_j(\alpha) = 1.$$

Если для некоторого $1 \leq i \leq m$ верно $\gamma_i^{(j)} = \alpha_i = 1$, то индивидуум \mathcal{A}_i , входящий в $U_{\gamma(j)}$, сохраняется в популяции A_i , причём при $1 \leq i \leq k$ индивидуум \mathcal{A}_i не изменяет момент времени поступления в A_i и длительность своего пребывания в A_i . Если же $\gamma_i^{(j)} = 1$ и $\alpha_i = 0$, то индивидуум \mathcal{A}_i , входящий в $U_{\gamma(j)}$, исключается из существующих в текущий момент индивидуумов популяции A_i равновозможно, $1 \leq i \leq m$.

Н4. Пусть $1 \leq i \leq k$. Положим, что индивидуум \mathcal{A}_i появился в популяции A_i в некоторый момент времени $t_{A_i} = t_{A_i}(\mathcal{A}_i)$. Максимально допустимую длительность пребывания индивидуума \mathcal{A}_i в этой популяции обозначим через $\tau_{A_i} = \tau_{A_i}(\mathcal{A}_i, t_{A_i}(\mathcal{A}_i)) > 0$. В течение промежутка времени $(t_{A_i}; t_{A_i} + \tau_{A_i})$ индивидуум \mathcal{A}_i может погибнуть вследствие событий, перечисленных в постулатах Н2, Н3. Если за промежуток $(t_{A_i}; t_{A_i} + \tau_{A_i})$ индивидуум \mathcal{A}_i не погибнет вследствие указанных событий, то в момент времени $t_{A_i} + \tau_{A_i}$ этот индивидуум исключается из популяции A_i и превращается в совокупность индивидуумов W_β , следуя закону распределения

$$0 \leq g_i(\beta) \leq 1, \quad \beta \in B_{k,i}, \quad \sum_{\beta \in B_{k,i}} g_i(\beta) = 1.$$

Длительность $\tau_{A_i} = \tau_{A_i}(\mathcal{A}_i, t_{A_i}(\mathcal{A}_i))$ пребывания индивидуума \mathcal{A}_i в популяции A_i зависит только от указанных в скобках параметров и не зависит от поведения и дальнейших превращений \mathcal{A}_i и остальных индивидуумов \mathcal{A} , существовавших в момент появления \mathcal{A}_i . Полагаем, что длительность τ_{A_i} задается одним из следующих способов: 1) τ_{A_i} представляет собой константу $\omega_i > 0$; 2) τ_{A_i} функционально зависит от $t_{A_i}(\mathcal{A}_i)$, т. е. $\tau_{A_i} = \Delta_i(t_{A_i}(\mathcal{A}_i))$, где $\Delta_i(s)$ — положительная, ограниченная сверху функция, такая, что функция $s + \Delta_i(s)$ является строго монотонно возрастающей на промежутке $s \in [0; \infty)$; 3) τ_{A_i} — случайная величина, распределенная на конечном промежутке $[c_i; d_i]$, $c_i > 0$, и имеющая абсолютно непрерывную функцию распределения, параметры которой могут функционально зависеть от $t_{A_i}(\mathcal{A}_i)$.

1.3. Пусть $1 \leq i \leq k$. Из постулатов Н1, Н3, Н4 следует, что популяция A_i пополняется в момент времени $t_{A_i}(\mathcal{A}_i)$ только одним индивидуумом \mathcal{A}_i . Для любой пары индивидуумов $\mathcal{A}_{i,1}, \mathcal{A}_{i,2}$ моменты времени $t_{A_{i,1}}, t_{A_{i,2}}$ их поступления в популяцию A_i различны. Привлекая

постулат Н4, получаем, что любая пара индивидуумов $\mathcal{A}_{i,1}, \mathcal{A}_{i,2}$ популяции A_i различима между собой как по времени их поступления в популяцию, так и по времени завершения пребывания в этой популяции. Действительно, если индивидуумы $\mathcal{A}_{i,2}, \mathcal{A}_{i,1}$ поступили в популяцию A_i в моменты времени $t_{A_{i,2}} > t_{A_{i,1}}$, то вероятность выполнения равенства $t_{A_{i,2}} + \tau_{A_{i,2}} = t_{A_{i,1}} + \tau_{A_{i,1}}$ равна нулю.

Будем говорить, что пара величин

$$(t_{A_i}, \tau_{A_i}) = (t_{A_i}(\mathcal{A}_i), \tau_{A_i}(\mathcal{A}_i, t_{A_i}(\mathcal{A}_i))), \quad (1.1)$$

состоящая из момента t_{A_i} появления индивидуума \mathcal{A}_i и максимально допустимой длительности τ_{A_i} пребывания \mathcal{A}_i в популяции A_i , является уникальным типом этого индивидуума.

Отметим, что для любой пары индивидуумов $\mathcal{A}_i, \mathcal{A}_\nu$, $1 \leq i, \nu \leq k$, $i \neq \nu$, появившихся одновременно в момент времени $t_{i,\nu} = t_{A_i, A_\nu}(\mathcal{A}_i, \mathcal{A}_\nu)$, длительности их пребывания в каждой из популяций A_i, A_ν могут совпадать. Такое совпадение возможно, например, при детерминированном описании τ_{A_i}, τ_{A_ν} , $1 \leq i, \nu \leq k$, $i \neq \nu$.

Введём семейства уникальных типов индивидуумов популяций A_1, \dots, A_k . Пусть $1 \leq i \leq k$. Для каждого фиксированного момента времени t индивидуумов популяции A_i будем описывать с помощью их уникальных типов (1.1) таких, что

$$t_{A_i} \leq t < t_{A_i} + \tau_{A_i}. \quad (1.2)$$

Соотношение (1.2) учитывает только тех индивидуумов \mathcal{A}_i популяции A_i , которые появились до момента времени t (включительно), и завершают своё пребывание в популяции в момент времени, следующий за t , т. е. всех тех индивидуумов, которые присутствуют в популяции A_i в момент времени t .

Если в момент времени t имеется $x_i(t) = x_i \geq 1$ индивидуумов популяции A_i , то эти индивидуумы задаются семейством

$$\Omega_{A_i}(t) = \{(t_{A_i,1}, \tau_{A_i,1}), \dots, (t_{A_i,x_i}, \tau_{A_i,x_i})\},$$

каждый элемент которого удовлетворяет соотношению (1.2), а именно,

$$t_{A_i,1} \leq t < t_{A_i,1} + \tau_{A_i,1}, \dots, t_{A_i,x_i} \leq t < t_{A_i,x_i} + \tau_{A_i,x_i}.$$

Если в момент времени t индивидуумы популяции A_i отсутствуют, т. е. $x_i(t) = 0$, то полагаем, что $\Omega_{A_i}(t) = \emptyset$.

1.4. Для компактного описания всего набора параметров модели представим постулаты Н1–Н4 в схематической форме:

$$G \xrightarrow{\rho_i} G + A_i, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (1.3)$$

$$A_i \xrightarrow{\lambda_i} D, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (1.4)$$

$$U_{\gamma^{(j)}} \xrightarrow{r_j} \{f_j(\alpha); U_\alpha\}, \quad \gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell, \quad \alpha \in B_k, \quad 1 \leq j \leq \ell, \quad (1.5)$$

$$A_i|_{t_{A_i}} \longrightarrow \{g_i(\beta); U_\beta\}|_{t_{A_i} + \tau_{A_i}}, \quad \beta \in B_{k,i}, \quad 1 \leq i \leq k. \quad (1.6)$$

В формуле (1.3) символ G означает внешний источник поступления индивидуумов, в формуле (1.4) символ D означает всех погибших индивидуумов. Обозначим через

$$\Delta X_i = \underbrace{(0, \dots, 0, 1, 0, \dots, 0)}_i \in \Gamma_+, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (1.7)$$

$$\Delta X_{\alpha, \gamma^{(j)}} = \alpha - \gamma^{(j)}, \quad \alpha \in B_k, \quad \gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell, \quad 1 \leq j \leq \ell, \quad (1.8)$$

$$\Delta X_{\beta, i} = \beta - \Delta X_i, \quad \beta \in B_{k,i}, \quad 1 \leq i \leq k, \quad (1.9)$$

набор векторов, которые отражают баланс между исчезновением и возникновением индивидуумов различных популяций.

В соответствии с постулатами Н1, Н2 и формулами (1.3), (1.4), (1.7) полагаем, что для каждого $1 \leq i \leq m$ вектор ΔX_i задаёт прирост численности популяции A_i на одного индивидуума, вектор $(-\Delta X_i)$ — снижение численности популяции A_i на одного индивидуума. Для $k+1 \leq i \leq m$ индивидуумы популяции A_i неразличимы между собой, поэтому для описания прироста или снижения (при $x_i(t) \geq 1$) её численности достаточно изменить $x_i(t)$ на ± 1 . Если $1 \leq i \leq k$, то прирост численности популяции A_i на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на $+1$) сопровождается пополнением семейства $\Omega_{A_i}(t)$ новым элементом; снижение численности популяции A_i на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на -1 при $x_i(t) \geq 1$) сопровождается исключением из семейства $\Omega_{A_i}(t)$ одного элемента, выбираемого равновероятно среди всех имеющихся элементов $\Omega_{A_i}(t)$.

Следуя постулату Н3 и формулам (1.5), (1.8), получаем, что для фиксированных $1 \leq j \leq \ell$, $\gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell$, $\alpha \in B_k$ компоненты вектора $\Delta X_{\alpha, \gamma^{(j)}}$ описывают изменение численности популяций, индивидуумы которых входят в совокупности $U_{\gamma^{(j)}}$ и V_α . В результате осуществления событий, указанных в постулате Н3, исчезает $\gamma^{(j)} = (\gamma_1^{(j)}, \dots, \gamma_m^{(j)})$ и возникает $\alpha = (\alpha_1, \dots, \alpha_m)$ индивидуумов популяций A_1, \dots, A_m , а разность $\alpha - \gamma^{(j)}$ отражает прирост или снижение численности этих популяций. Если для некоторого $1 \leq i \leq m$ окажется, что $\alpha_i = \gamma_i^{(j)}$, то численность популяции A_i не меняется, и для $1 \leq i \leq k$ не меняется семейство уникальных типов этой популяции. В случае $k+1 \leq i \leq m$ для описания прироста или снижения (при $x_i(t) \geq 1$) численности популяции A_i достаточно изменить $x_i(t)$ на $\alpha_i - \gamma_i^{(j)} \neq 0$. Если $1 \leq i \leq k$ и $\gamma_i^{(j)} = 1$, $\alpha_i = 0$, то снижение численности популяции A_i на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на -1 при $x_i(t) \geq 1$) сопровождается исключением из семейства $\Omega_{A_i}(t)$ одного элемента, выбираемого равновероятно среди всех имеющихся элементов $\Omega_{A_i}(t)$. Если $1 \leq i \leq k$ и $\gamma_i^{(j)} = 0$, $\alpha_i = 1$, то прирост численности популяции A_i на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на $+1$) сопровождается пополнением семейства $\Omega_{A_i}(t)$ новым элементом. Пусть совокупности $U_{\gamma^{(j)}}$ и V_α включают индивидуумов популяций A_1, \dots, A_k , разделённых на две не пересекающиеся группы. Первая группа индивидуумов входит в $U_{\gamma^{(j)}}$, вторая группа индивидуумов — в V_α . Тогда снижение численности популяции A_i из первой группы на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на -1 при $x_i(t) \geq 1$) сопровождается исключением из семейства $\Omega_{A_i}(t)$ одного элемента, выбираемого равновероятно среди всех имеющихся элементов $\Omega_{A_i}(t)$. Прирост численности популяции A_i из второй группы на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на $+1$) сопровождается пополнением семейства $\Omega_{A_i}(t)$ новым элементом.

Следуя постулату Н4 и формулам (1.6), (1.9), устанавливаем, что для фиксированных $1 \leq i \leq k$, $\beta \in B_{k,i}$ компоненты вектора $\Delta X_{\beta,i}$ описывают снижение численности популяции A_i на одного индивидуума и прирост численности популяций, индивидуумы которых входят в совокупность W_β . Такой прирост задаётся компонентами вектора $\beta = (\beta_1, \dots, \beta_{i-1}, 0, \beta_{i+1}, \dots, \beta_m)$. Снижение численности популяции A_i на одного индивидуума (изменение $x_i(t)$ на -1 при $x_i(t) \geq 1$) сопровождается исключением из семейства $\Omega_{A_i}(t)$ одного элемента, соответствующего завершению пребывания некоторого индивидуума в этой популяции. Прирост численности популяций A_ν , $1 \leq \nu \leq m$, $\nu \neq i$, задаётся путём изменения $x_\nu(t)$ на $+\beta_\nu$. Если $1 \leq \nu \leq k$, $\nu \neq i$, то прирост численности популяции A_ν на одного индивидуума (изменение $x_\nu(t)$ на $+1$) сопровождается пополнением семейства $\Omega_{A_\nu}(t)$ новым элементом.

2. ВЕРОЯТНОСТНОЕ ОПИСАНИЕ МОДЕЛИ

2.1. Обозначим через $[0; a_{\text{mod}}]$ промежуток моделирования, где $a_{\text{mod}} > 0$ — некоторая константа. Для описания динамики популяций A_1, \dots, A_m при $t \in [0; a_{\text{mod}}]$ используем случайный процесс $Z(t) = (X(t), \Omega(t))$, где

$$X(t) = (x_1(t), \dots, x_m(t)), \quad \Omega(t) = (\Omega_1(t), \dots, \Omega_k(t)).$$

Полагаем, что $Z(0) = (X(0), \Omega(0))$ состоит из заданного (неслучайного) вектора $X(0) = X^{(0)} \in N_0^m$, описывающего начальную численность популяций, и фиксированного (неслучайного) множества $\Omega(0) = \Omega^{(0)}$, отражающего уникальные типы первоначально существующих индивидуумов популяций A_1, \dots, A_k . Принимаем, что элементы каждого из множеств $\Omega_i^{(0)}$ удовлетворяют соотношению (1.2) при $t = 0$, $1 \leq i \leq k$.

2.2. Пусть $t = t_n \in [0; a_{\text{mod}})$ — заданный момент времени, $n = 0, 1, 2, \dots$, $t_0 = 0$. Примем, что значения компонент $Z(t_n)$ фиксированы, а именно,

$$Z(t_n) = (X(t_n), \Omega(t_n)), \quad (2.1)$$

где $X(t_n)$ — вектор с фиксированными целочисленными неотрицательными компонентами $x_i(t_n)$, $1 \leq i \leq m$, $\Omega(t_n)$ — набор семейств фиксированных уникальных типов индивидуумов соответствующих популяций:

$$\text{если } x_i(t_n) = 0, \quad \text{то } \Omega_{A_i}(t_n) = \emptyset, \quad (2.2)$$

$$\text{если } x_i(t_n) \geq 1, \quad \text{то } \Omega_{A_i}(t_n) = \{(t_{A_i,1}^{(n)}, \tau_{A_i,1}^{(n)}); \dots; (t_{A_i,x_i(t_n)}^{(n)}, \tau_{A_i,x_i(t_n)}^{(n)})\}, \quad (2.3)$$

$$t_{A_i,y_i}^{(n)} \leq t_n < t_{A_i,y_i}^{(n)} + \tau_{A_i,y_i}^{(n)}, \quad 1 \leq y_i \leq x_i(t_n), \quad 1 \leq i \leq k. \quad (2.4)$$

Опишем закон изменения $Z(t_n)$, опираясь на постулаты Н1–Н4. Используя (2.1) и (1.7)–(1.9), введём состояния, в которые может перейти $X(t_n)$. Положим

$$X_{n,i} = X(t_n) + \Delta X_i, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.5)$$

$$X_{n,m+i} = X(t_n) - \Delta X_i, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.6)$$

$$X_{n,\alpha,\gamma(j)} = X(t_n) + \Delta X_{\alpha,\gamma(j)}, \quad 1 \leq j \leq \ell, \quad (2.7)$$

$$X_{n,\beta,i} = X(t_n) + \Delta X_{\beta,i}, \quad 1 \leq i \leq k. \quad (2.8)$$

2.3. Обратимся к постулату Н4 без учёта Н1–Н3. Рассмотрим $\Omega(t_n)$, компоненты которого заданы (2.2)–(2.4). Положим

$$\psi_{A_i}^{(n)} = \min_{1 \leq \nu \leq x_i(t_n)} \{t_{A_i,\nu}^{(n)} + \tau_{A_i,\nu}^{(n)}\} = t_{A_i,*}^{(n)} + \tau_{A_i,*}^{(n)}, \quad \text{если } \Omega_{A_i}(t_n) \neq \emptyset, \quad 1 \leq i \leq k, \quad (2.9)$$

$$\psi_{A_i}^{(n)} = +\infty, \quad \text{если } \Omega_{A_i}(t_n) = \emptyset, \quad 1 \leq i \leq k. \quad (2.10)$$

В формуле (2.9) $(t_{A_i,*}^{(n)}, \tau_{A_i,*}^{(n)})$ означает единственный элемент из $\Omega_{A_i}(t_n)$, на котором достигается равенство $\psi_{A_i}^{(n)} = t_{A_i,*}^{(n)} + \tau_{A_i,*}^{(n)}$. Конечная величина $\psi_{A_i}^{(n)}$ определяет ближайший к t_n (справа) момент перехода $X(t_n)$ в одно из состояний (2.8) одновременно с исключением элемента $(t_{A_i,*}^{(n)}, \tau_{A_i,*}^{(n)})$ из $\Omega_{A_i}(t_n)$. Переход $X(t_n)$ в одно из возможных состояний (2.8) описывается вероятностью $g_i(\beta)$, $\beta \in B_{k,i}$, $1 \leq i \leq k$. Если $\psi_{A_i}^{(n)} > a_{\text{mod}}$, то указанные изменения $\Omega_{A_i}(t_n)$ и переход $X(t_n)$ в одно из возможных состояний (2.8) осуществляются за границами промежутка моделирования. Формула (2.10) учитывает случай, когда переход из $X(t_n)$ в одно из состояний (2.8) и изменение $\Omega_{A_i}(t_n)$ невозможны.

Отметим, что некоторые из величин $\psi_{A_1}^{(n)}, \dots, \psi_{A_k}^{(n)}$, заданных формулой (2.9), могут совпадать. Совпадение любой пары, тройки и т. д. указанных величин обусловлено способом задания величин $\tau_{A_i,*}^{(n)}$, приведённым в постулате Н4. Обозначим

$$\psi^{(n)} = \min \{\psi_{A_1}^{(n)}, \dots, \psi_{A_k}^{(n)}\}. \quad (2.11)$$

2.4. Обратимся к постулатам Н1–Н3, учитывая Н4. Зафиксируем промежуток $(t_n; \psi^{(n)})$, правая граница которого задана формулой (2.11). Рассмотрим момент первого перехода из

$X(t_n)$ в одно из состояний, определённых в (2.5)–(2.7). Полагаем, что до наступления указанного перехода $X(t) = X(t_n)$ при всех $t \in [t_n; \psi^{(n)})$. Примем, что за бесконечно малый промежуток времени

$$(t; t+h) \subset [t_n; \min\{\psi^{(n)}, a_{\text{mod}}\}), \quad h \rightarrow +0,$$

возможны первые переходы из $X(t) = X(t_n)$ в одно из состояний (2.5)–(2.7), а именно,

$$P\{X(t) \rightarrow X_{n,i}\} = \rho_i h + o(h), \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.12)$$

$$P\{X(t) \rightarrow X_{n,m+i}\} = \lambda_i x_i(t_n) h + o(h), \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.13)$$

$$P\{X(t) \rightarrow X_{n,\alpha,\gamma^{(j)}}\} = f_j(\alpha) r_j \sigma_j(X(t_n)) h + o(h),$$

$$\sigma_j(X(t_n)) = \prod_{i=1, \gamma_i^{(j)}=1}^m x_i(t_n), \quad \gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell, \quad \alpha \in B_k, \quad 1 \leq j \leq \ell. \quad (2.14)$$

Одновременное наступление двух и более из перечисленных в (2.12), (2.13), (2.14) переходов имеет порядок $o(h)$, и с вероятностью $1 - r_0(X(t_n))h + o(h)$ ни один из указанных переходов на промежутке $(t; t+h)$ не происходит, где

$$r_0(X(t_n)) = \sum_{i=1}^m \rho_i + \sum_{i=1}^m \lambda_i x_i(t_n) + \sum_{j=1}^{\ell} r_j \sigma_j(X(t_n)) > 0. \quad (2.15)$$

Обозначим через

$$\xi^{(n)} \sim \text{Exp}(r_0(X(t_n))) \quad (2.16)$$

случайную величину с экспоненциальным распределением, параметр которого задан формулой (2.15). Пусть $t_n + \xi^{(n)} < \min\{\psi^{(n)}, a_{\text{mod}}\}$. Тогда $t_n + \xi^{(n)}$ — момент первого изменения $X(t_n)$ в соответствии с переходами, указанными формулами (2.5)–(2.7), (2.12)–(2.14). Отметим, что изменения компонент $X(t_n)$ могут приводить к изменениям некоторых компонент $\Omega(t_n)$ (см. далее). Если $t_n + \xi^{(n)} > a_{\text{mod}}$, то переходы, указанные в (2.5)–(2.7), (2.12)–(2.14), могут осуществиться за границами промежутка моделирования; если $\psi^{(n)} < t_n + \xi^{(n)} < a_{\text{mod}}$, то ни один из указанных переходов не происходит.

2.5. Используя (2.11), (2.16), перейдём от момента времени t_n к моменту

$$t_{n+1} = \min\{a_{\text{mod}}, t_n + \xi^{(n)}, \psi^{(n)}\}. \quad (2.17)$$

Формула (2.17) определяет момент времени t_{n+1} , которому соответствуют следующие события:

- случай С1: текущее время $t = t_{n+1} = a_{\text{mod}}$ достигает конца промежутка моделирования;
- случай С2: при $t = t_{n+1} = t_n + \xi^{(n)}$ происходит скачкообразное изменение $Z(t)$ за счёт миграционного притока индивидуумов, их естественной смертности, взаимодействия индивидуумов или производства новых индивидуумов отдельным индивидуумом;
- случай С3: при $t = t_{n+1} = \psi^{(n)}$ происходит скачкообразное изменение $Z(t)$ за счёт завершения пребывания индивидуумов в популяциях A_1, \dots, A_k .

Ниже представлено описание перехода $Z(t_n)$ в $Z(t_{n+1})$ в каждом из трёх перечисленных случаев.

Рассмотрим случай С1. Пусть в (2.17)

$$t_{n+1} = a_{\text{mod}}. \quad (2.18)$$

Тогда $Z(t_n)$ сохраняется неизменным до конца промежутка моделирования и, как следствие,

$$X(t_{n+1}) = X(t_n), \quad \Omega(t_{n+1}) = \Omega(t_n). \quad (2.19)$$

Рассмотрим случай С2. Примем, что в (2.17)

$$t_{n+1} = t_n + \xi^{(n)}. \quad (2.20)$$

Тогда изменения $X(t_n)$, $\Omega(t_n)$ обусловлены переходами $X(t_n)$ в одно из состояний (2.5)–(2.8). Полагаем, что

$$X(t_{n+1}) = X_{n,i} \quad \text{с вероятностью} \quad \frac{\rho_i}{r_0(X(t_n))}, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.21)$$

$$X(t_{n+1}) = X_{n,m+i} \quad \text{с вероятностью} \quad \frac{\lambda_i x_i(t_n)}{r_0(X(t_n))}, \quad 1 \leq i \leq m, \quad (2.22)$$

$$X(t_{n+1}) = X_{n,\alpha,\gamma^{(j)}} \quad \text{с вероятностью} \quad \frac{f_j(\alpha)r_j\sigma_j(X(t_n))}{r_0(X(t_n))},$$

$$\gamma^{(j)} \in \Gamma_\ell, \quad \alpha \in B_k, \quad 1 \leq j \leq \ell. \quad (2.23)$$

Рассмотрим переходы, приведённые в (2.21). Пусть осуществился переход $X(t_n)$ в конкретное состояние $X_{n,\theta}$, $1 \leq \theta \leq m$. Тогда

$$X(t_{n+1}) = X_{n,\theta}, \quad \Omega(t_{n+1}) = \Omega(t_n), \quad \text{если} \quad k+1 \leq \theta \leq m, \quad (2.24)$$

$$X(t_{n+1}) = X_{n,\theta}, \quad \Omega_{A_\theta}(t_{n+1}) = \Omega_{A_\theta}(t_n) \cup (t_{n+1}, \tau_{A_\theta}^{(n+1)}),$$

$$\Omega_{A_i}(t_{n+1}) = \Omega_{A_i}(t_n), \quad 1 \leq i \leq k, \quad i \neq \theta, \quad \text{если} \quad 1 \leq \theta \leq k, \quad (2.25)$$

где $(t_{n+1}, \tau_{A_\theta}^{(n+1)})$ — новый элемент, пополняющий $\Omega_{A_\theta}(t_n)$.

Обратимся к переходам, указанным в (2.22). Пусть осуществился переход $X(t_n)$ в конкретное состояние $X_{n,m+\theta}$, $1 \leq \theta \leq m$. Тогда

$$X(t_{n+1}) = X_{n,m+\theta}, \quad \Omega(t_{n+1}) = \Omega(t_n), \quad \text{если} \quad k+1 \leq \theta \leq m, \quad (2.26)$$

$$X(t_{n+1}) = X_{n,m+\theta}, \quad \Omega_{A_\theta}(t_{n+1}) = \Omega_{A_\theta}(t_n) \setminus (t_{A_\theta,d}^{(n)}, \tau_{A_\theta,d}^{(n)}),$$

$$\Omega_{A_i}(t_{n+1}) = \Omega_{A_i}(t_n), \quad 1 \leq i \leq k, \quad i \neq \theta, \quad \text{если} \quad 1 \leq \theta \leq k, \quad (2.27)$$

где $(t_{A_\theta,d}^{(n)}, \tau_{A_\theta,d}^{(n)})$ — элемент, исключаемый из $\Omega_{A_\theta}(t_n)$ с вероятностью $1/x_\theta(t_n)$.

Рассмотрим переходы, заданные (2.23). Примем, что при некотором фиксированном $1 \leq \pi \leq \ell$ осуществился переход $X(t_n)$ в конкретное состояние $X_{n,\alpha^{(\pi)},\gamma^{(\pi)}}$, $\alpha^{(\pi)} \in B_k$, $\gamma^{(\pi)} \in \Gamma_\ell$. Введём два вектора, состоящие из первых k компонент векторов $\gamma^{(\pi)}$ и $\alpha^{(\pi)}$:

$$\hat{\gamma}^{(\pi)} = (\gamma_1^{(\pi)}, \gamma_2^{(\pi)}, \dots, \gamma_k^{(\pi)}), \quad \hat{\alpha}^{(\pi)} = (\alpha_1^{(\pi)}, \alpha_2^{(\pi)}, \dots, \alpha_k^{(\pi)}).$$

Тогда

$$X(t_{n+1}) = X_{n,\alpha^{(\pi)},\gamma^{(\pi)}}, \quad \Omega(t_{n+1}) = \Omega(t_n), \quad \text{если} \quad \hat{\gamma}^{(\pi)} = \hat{\alpha}^{(\pi)}. \quad (2.28)$$

Пусть далее

$$\hat{\gamma}^{(\pi)} \neq \hat{\alpha}^{(\pi)}. \quad (2.29)$$

Положим, что для $i \in I_1 \subset \{1, 2, \dots, k\}$ векторы, указанные в (2.29), содержат компоненты

$$\hat{\gamma}_i^{(\pi)} = 1, \quad \hat{\alpha}_i^{(\pi)} = 0. \quad (2.30)$$

Тогда

$$X(t_{n+1}) = X_{n,\alpha^{(\pi)},\gamma^{(\pi)}}, \quad \Omega_{A_i}(t_{n+1}) = \Omega_{A_i}(t_n) \setminus (t_{A_i,d}^{(n)}, \tau_{A_i,d}^{(n)}), \quad i \in I_1,$$

$$\Omega_{A_i}(t_{n+1}) = \Omega_{A_i}(t_n), \quad 1 \leq i \leq k, \quad i \notin I_1, \quad (2.31)$$

где $(t_{A_i,d}^{(n)}, \tau_{A_i,d}^{(n)})$ — элемент, исключаемый из $\Omega_{A_i}(t_n)$ с вероятностью $1/x_i(t_n)$, $i \in I_1$. Положим, что для $i \in I_2 \subset \{1, 2, \dots, k\}$ векторы, указанные в (2.29), содержат компоненты

$$\hat{\gamma}_i^{(\pi)} = 0, \quad \hat{\alpha}_i^{(\pi)} = 1. \quad (2.32)$$

Тогда

$$\begin{aligned} X(t_{n+1}) &= X_{n,\alpha^{(\pi)},\gamma^{(\pi)}}, \quad \Omega_{A_i}(t_{n+1}) = \Omega_{A_i}(t_n) \cup (t_{n+1}, \tau_{A_i}^{(n+1)}), \quad i \in I_2, \\ \Omega_{A_i}(t_{n+1}) &= \Omega_{A_i}(t_n), \quad 1 \leq i \leq k, \quad i \notin I_2, \end{aligned} \quad (2.33)$$

где $(t_{n+1}, \tau_{A_i}^{(n+1)})$ — новый элемент, пополняющий $\Omega_{A_i}(t_n)$, $i \in I_2$.

Рассмотрим случай СЗ. Примем, что в (2.17)

$$t_{n+1} = \psi^{(n)} = \psi_{A_\theta}^{(n)}, \quad \theta \in \Theta, \quad (2.34)$$

где $\Theta \subset \{1, 2, \dots, k\}$ — некоторый набор, содержащий один или несколько индексов (в случае совпадения величин $\psi_{A_\theta}^{(n)}$ при разных θ).

Последовательно рассмотрим каждое $\theta \in \Theta$. Для фиксированного $\theta \in \Theta$ изменения $X(t_n)$, $\Omega(t_n)$ обусловлены исключением элемента $(t_{A_\theta,*}^{(n)}, \tau_{A_\theta,*}^{(n)})$ из $\Omega_{A_\theta}(t_n)$ (см. формулу (2.9)) и переходами $X(t_n)$ в одно из состояний (2.8) с вероятностью

$$P\{X(t_n) \rightarrow X_{n,\beta,\theta}\} = g_\theta(\beta), \quad \beta \in B_{k,\theta}. \quad (2.35)$$

Пусть осуществился переход $X(t_n)$ в конкретное состояние $X_{n,\beta^{(\theta)},\theta}$, $\beta^{(\theta)} \in B_{k,\theta}$. Положим, что для $i \in I_3 \subset \{1, \dots, \theta - 1, \theta + 1, \dots, k\}$ вектор $\beta^{(\theta)}$ содержит компоненты

$$\beta_i^{(\theta)} = 1. \quad (2.36)$$

Тогда

$$\begin{aligned} X(t_{n+1}) &= X_{n,\beta^{(\theta)},\theta}, \quad \Omega_{A_\theta}(t_{n+1}) = \Omega_{A_\theta}(t_n) \setminus (t_{A_\theta,*}^{(n)}, \tau_{A_\theta,*}^{(n)}), \\ \Omega_{A_i}(t_{n+1}) &= \Omega_{A_i}(t_n) \cup (t_{n+1}, \tau_{A_i}^{(n+1)}), \quad i \in I_3, \\ \Omega_{A_i}(t_{n+1}) &= \Omega_{A_i}(t_n), \quad 1 \leq i \leq k, \quad i \notin I_3, \end{aligned} \quad (2.37)$$

где $(t_{A_\theta,*}^{(n)}, \tau_{A_\theta,*}^{(n)})$ — исключаемый из $\Omega_{A_\theta}(t_n)$ элемент, имеющий наименьшее значение $t_{A_\theta,*}^{(n)} + \tau_{A_\theta,*}^{(n)}$ (см. формулу (2.9)), $(t_{n+1}, \tau_{A_i}^{(n+1)})$ — новый элемент, пополняющий $\Omega_{A_i}(t_n)$, $i \in I_3$.

2.6. В дополнение к соотношениям (2.2)–(2.37) примем, что

$$Z(t) = Z(t_n) = (X(t_n), \Omega(t_n)), \quad t \in [t_n; t_{n+1}). \quad (2.38)$$

Если выполнено соотношение (2.18), то завершаем описание процесса $Z(t)$. Если соотношение (2.18) не выполнено, то заменяем t_n на t_{n+1} , фиксируем компоненты $Z(t_{n+1})$, находим момент времени t_{n+2} , применяя формулы (2.5)–(2.17), и, используя t_{n+2} , $Z(t_{n+1})$, повторяем процедуру, заданную формулами (2.18)–(2.38).

Замечание 2.1. Постулаты Н1–Н3 могут быть обобщены на случай, когда вместо констант ρ_i , λ_i , r_j рассматриваются функции, зависящие от текущей (фиксированной) численности популяций $X(t) = X$:

$$\rho_i = \rho_i(X), \quad \lambda_i = \lambda_i(X), \quad 1 \leq i \leq m, \quad r_j = r_j(X), \quad 1 \leq j \leq \ell. \quad (2.39)$$

Следуя (2.39), в формулах (2.12)–(2.15), (2.21)–(2.23) необходимо заменить константы ρ_i , λ_i , r_j соответственно на

$$\rho_i(X(t_n)), \quad \lambda_i(X(t_n)), \quad 1 \leq i \leq m, \quad r_j(X(t_n)), \quad 1 \leq j \leq \ell.$$

3. АЛГОРИТМ ЧИСЛЕННОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ

Аналитическое исследование модели за исключением отдельных вариантов, в которых не учитывается взаимодействие индивидуумов, является практически невозможным. Поэтому для численного исследования модели применяется метод Монте-Карло. Для проведения вычислительных экспериментов и построения реализаций изучаемых переменных на промежутке $[0; a_{\text{mod}}]$ используется алгоритм, основанный на рекуррентных соотношениях, описанных в разд. 2. Для генерации возникающих в алгоритме случайных величин применяются формулы и датчики псевдослучайных чисел, описанные в работах [18–21].

Алгоритм моделирования состоит из нескольких шагов.

0. На нулевом шаге задаём значения параметров модели, константу a_{mod} , полагаем $t_0 = 0$, $n = 0$. Фиксируем начальное состояние переменных модели $Z(t_0) = (X(t_0), \Omega(t_0))$. Задаём константу a_∞ такую, что $a_\infty > a_{\text{mod}}$. Переходим на первый шаг.

1. На первом шаге для фиксированных n и t_n находим набор величин $\psi_{A_1}^{(n)}, \dots, \psi_{A_k}^{(n)}$, используя формулы (2.9), (2.10). Если для некоторого $1 \leq i \leq k$ окажется, что $\Omega_{A_i}(t_n) = \emptyset$, то в (2.10) полагаем, что $\psi_{A_i}^{(n)} = a_\infty$. Находим величину $\psi^{(n)}$ по формуле (2.11). Переходим на второй шаг.

2. На втором шаге для фиксированных n и t_n вычисляем константу $r_0(X(t_n))$ по формуле (2.15). Генерируем экспоненциально распределённую случайную величину $\xi^{(n)}$ с параметром $r_0(X(t_n))$. Переходим на третий шаг.

3. На третьем шаге вычисляем момент времени t_{n+1} по формуле (2.17). Если выполнено соотношение (2.18), то находим компоненты $Z(t_{n+1})$ по формуле (2.19) и переходим на шестой шаг. Если соотношение (2.18) не выполнено, то при выполнении (2.20) переходим на четвёртый шаг, а при выполнении (2.34) — на пятый шаг.

4. На четвёртом шаге находим компоненты $Z(t_{n+1})$, генерируя переходы $X(t_n)$ в состояния (2.5)–(2.7), опираясь на закон распределения (2.21)–(2.23) и учитывая изменения $\Omega(t_n)$, заданные соотношениями (2.24)–(2.33). Для поиска элемента $(t_{A_i,d}^{(n)}, \tau_{A_i,d}^{(n)})$, исключаемого из некоторого $\Omega_{A_i}(t_n)$, генерируем номер этого элемента d , распределённого равномерно на множестве целых чисел $1, 2, \dots, x_i(t_n)$, $1 \leq i \leq k$. Заменяем n на $n + 1$ и возвращаемся на первый шаг.

5. На пятом шаге находим компоненты $Z(t_{n+1})$, генерируя переходы $X(t_n)$ в состояния (2.8), опираясь на закон распределения (2.35) и учитывая изменения $\Omega(t_n)$, заданные соотношениями (2.36), (2.37). Заменяем n на $n + 1$ и возвращаемся на первый шаг.

6. На шестом шаге завершаем моделирование процесса $Z(t)$.

Замечание 3.1. Пусть $1 \leq i \leq k$. Для снижения вычислительных затрат вместо семейства $\Omega_{A_i}(t_n)$ можно использовать редуцированное семейство $\hat{\Omega}_{A_i}(t_n)$, построенное следующим образом:

$$\begin{aligned} &\text{если } x_i(t_n) = 0, \quad \text{то } \hat{\Omega}_{A_i}(t_n) = \emptyset, \\ &\text{если } x_i(t_n) \geq 1, \quad \text{то } \hat{\Omega}_{A_i}(t_n) = \{t_{A_i,1}^{(n)} + \tau_{A_i,1}^{(n)}; \dots; t_{A_i,x_i(t_n)}^{(n)} + \tau_{A_i,x_i(t_n)}^{(n)}\}, \\ &\quad t_{A_i,y_i}^{(n)} \leq t_n < t_{A_i,y_i}^{(n)} + \tau_{A_i,y_i}^{(n)}, \quad 1 \leq y_i \leq x_i(t_n). \end{aligned}$$

Информация, содержащаяся в $\hat{\Omega}_{A_i}(t_n)$, достаточна для применения формул (2.9)–(2.11), (2.17). Для включения в $\hat{\Omega}_{A_i}(t_n)$ нового элемента $\{t_{n+1} + \tau_{A_i}^{(n+1)}\}$ и исключения из $\hat{\Omega}_{A_i}(t_n)$ «минимального» элемента $\{t_{A_i,*}^{(n)} + \tau_{A_i,*}^{(n)}\}$ или удаляемого элемента $\{t_{A_i,d}^{(n)} + \tau_{A_i,d}^{(n)}\}$ (см. формулы (2.25), (2.27), (2.31), (2.33), (2.37)) следует использовать алгоритмы работы с конечными наборами данных, оптимизированными под такие задачи, например представление $\hat{\Omega}_{A_i}(t_n)$ в виде сбалансированного дерева.

Замечание 3.2. Если в модели учитывать модификацию, предложенную в замечании 2.1, то формулы (2.12)–(2.15), (2.21)–(2.23), используемые в алгоритме, допускают естественную корректировку, остальные формулы остаются неизменными.

4. ПРИМЕР. СТАДИЯ-ЗАВИСИМАЯ МОДЕЛЬ ЭПИДЕМИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА

Рассмотрим модификацию стадия-зависимой стохастической модели эпидемического процесса, предложенной в [15]. Примем, что инфекция распространяется среди взрослого населения некоторого региона и описывается в терминах следующих популяций индивидуумов:

A_1 — первично-инфицированные (не заразные) индивидуумы, находящиеся в латентной стадии развития заболевания;

A_2 — изолированные больные индивидуумы, находящиеся на лечении;

A_3 — переболевшие индивидуумы, сформировавшие иммунитет к инфекции;

A_4 — восприимчивые к инфекции индивидуумы;

A_5 — неизолированные больные индивидуумы, способные к заражению восприимчивых индивидуумов.

Обозначим через G подрастающих индивидуумов рассматриваемого региона или взрослых восприимчивых к инфекции индивидуумов, поступающих из других регионов. Положим, что D означает всех погибших или покинувших рассматриваемый регион индивидуумов.

Параметрическое представление модели таково:

$$G \xrightarrow{\rho_4} G + A_4, \quad (4.1)$$

$$A_i \xrightarrow{\lambda_i} D, \quad 1 \leq i \leq 5, \quad (4.2)$$

$$A_4 + A_5 \xrightarrow{r_1} A_1 + A_5, \quad (4.3)$$

$$A_5 \xrightarrow{r_2} A_2, \quad (4.4)$$

$$A_1|_{t_{A_1}} \longrightarrow (\{q_3; A_3\} + \{q_5; A_5\})|_{t_{A_1} + \tau_{A_1}}, \quad (4.5)$$

$$A_2|_{t_{A_2}} \longrightarrow A_3|_{t_{A_2} + \tau_{A_2}}, \quad (4.6)$$

$$A_3|_{t_{A_3}} \longrightarrow A_4|_{t_{A_3} + \tau_{A_3}}. \quad (4.7)$$

В (4.1) константа $\rho_4 > 0$ задаёт интенсивность притока индивидуумов из G в популяцию A_4 . Константы $\lambda_1 > 0$, $\lambda_2 > 0$, $\lambda_3 > 0$, $\lambda_4 > 0$, $\lambda_5 > 0$, используемые в (4.2), задают интенсивности естественной гибели, а также учитывают интенсивности миграционного оттока индивидуумов перечисленных популяций. Кроме того, константы λ_2 , λ_5 дополнительно учитывают интенсивности гибели индивидуумов популяций A_2 , A_5 от инфекционного заболевания. В (4.3) константа $r_1 > 0$ означает интенсивность контактов индивидуума популяции A_4 и индивидуума популяции A_5 , приводящих к инфицированию индивидуума популяции A_4 и его превращению в индивидуума популяции A_1 . В (4.4) константа $r_2 > 0$ задаёт интенсивность развития заболевания у индивидуума популяции A_5 с его последующим превращением в индивидуума популяции A_2 . В (4.5) константа $0 < q_3 < 1$ задаёт вероятность перехода индивидуумов популяции A_1 в популяцию A_3 вследствие развития бессимптомной (клинически не выраженной) формы заболевания. Константа $q_5 = 1 - q_3$ задаёт вероятность перехода индивидуумов популяции A_1 в популяцию A_5 вследствие развития заболевания с лёгкой, средней и тяжёлой формами. Соотношения (4.5)–(4.7) содержат константы, отражающие продолжительности отдельных стадий заболевания и сохранения иммунитета: $\tau_{A_1} > 0$ — продолжительность латентной стадии развития заболевания, $\tau_{A_2} > 0$ — продолжительность лечения индивидуума до его полного выздоровления, $\tau_{A_3} > 0$ — продолжительность сохранения иммунитета у переболевших индивидуумов.

Опираясь на соотношения (4.1)–(4.7), можно записать, что

$$\ell = 2, \quad \gamma^{(1)} = (0, 0, 0, 1, 1), \quad W_{\gamma^{(1)}} = A_4 + A_5, \quad \gamma^{(2)} = (0, 0, 0, 0, 1), \quad W_{\gamma^{(2)}} = A_5.$$

Если осуществляется событие, связанное со взаимодействием индивидуумов, входящих в $W_{\gamma^{(1)}}$, то с вероятностью $f_1(\alpha^{(1,1)}) = f_1(1, 0, 0, 0, 1) = 1$ индивидуум \mathcal{A}_4 превращается в индивидуума \mathcal{A}_1 , индивидуум \mathcal{A}_5 сохраняется неизменным, т. е. образуется совокупность $V_{\alpha^{(1,1)}} = A_1 + A_5$. Если осуществляется событие, связанное с порождением новых индивидуумов за счёт индивидуума, составляющего $W_{\gamma^{(2)}}$, то с вероятностью $f_2(\alpha^{(2,1)}) = f_2(0, 1, 0, 0, 0) = 1$ индивидуум \mathcal{A}_5 превращается в индивидуума \mathcal{A}_2 , т. е. образуется совокупность $V_{\alpha^{(2,1)}} = A_2$.

Введём вероятности $g_i(\beta)$ превращения индивидуумов, завершающих пребывание в популяциях A_i , $i = 1, 2, 3$. Положим, что

$$g_1(\beta^{(1,1)}) = g_1(0, 0, 1, 0, 0) = q_3, \quad g_1(\beta^{(1,2)}) = g_1(0, 0, 0, 0, 1) = q_5.$$

Тогда с вероятностями q_3 , q_5 индивидуум \mathcal{A}_1 превращается в индивидуума \mathcal{A}_3 или \mathcal{A}_5 , т. е. образуются совокупности $W_{\beta^{(1,1)}} = A_3$ или $W_{\beta^{(1,2)}} = A_5$. Положим, что с вероятностью $g_2(\beta^{(2,1)}) = g_2(0, 0, 1, 0, 0) = 1$ индивидуум \mathcal{A}_2 превращается в индивидуума \mathcal{A}_3 , т. е. образуется совокупность $W_{\beta^{(2,1)}} = A_3$. С вероятностью $g_3(\beta^{(3,1)}) = g_3(0, 0, 0, 1, 0) = 1$ индивидуум \mathcal{A}_3 превращается в индивидуума \mathcal{A}_4 , т. е. образуется совокупность $W_{\beta^{(3,1)}} = A_4$.

Динамика эпидемического процесса описывается в терминах численности популяций индивидуумов $x_1(t)$, $x_2(t)$, $x_3(t)$, $x_4(t)$, $x_5(t)$ и семейств уникальных типов индивидуумов $\Omega_1(t)$, $\Omega_2(t)$, $\Omega_3(t)$.

Далее представлены результаты вычислительных экспериментов с моделью, в которых приведены оценки вероятности завершения эпидемического процесса в течение конечного промежутка времени $[0; a_{\text{mod}}]$ при условии, что $x_1(0) + x_5(0) > 0$. Полагаем, что эпидемический процесс завершился в момент времени $t \in [0; a_{\text{mod}}]$, если выполнено соотношение

$$x_1(t) + x_5(t) = 0. \quad (4.8)$$

Соотношение (4.8) означает, что численность популяций A_1 , A_5 инфицированных и больных индивидуумов обратилась в нуль в момент времени t , и в регионе отсутствует источник заражения новых индивидуумов. Вероятность наступления события (4.8) обозначим через $P(t)$, $t \in [0; a_{\text{mod}}]$.

Для планирования вычислительных экспериментов используем два упрощённых варианта модели. В первом упрощённом варианте модели примем, что

$$x_1(0) + x_5(0) = 0,$$

и без ограничения общности положим, что $x_2(0) = x_3(0) = 0$. Пусть $x_4(0) = x_4^0 \geq 0$ — некоторая константа. В силу постулатов Н1 и Н2 динамика переменной $x_4(t)$ описывается линейным процессом гибели с иммиграцией [1, 2]. В частности, $E_4(t) = Ex_4(t)$ — математическое ожидание $x_4(t)$ — находится как решение дифференциального уравнения с заданным начальным условием:

$$E_4(0) = x_4^0, \quad \frac{dE_4(t)}{dt} = \rho_4 - \lambda_4 E_4(t), \quad t > 0. \quad (4.9)$$

Если принять, что $x_4^0 = x_4^* = \rho_4/\lambda_4$, то решение (4.9) есть $E_4(t) = x_4^*$, $t \in [0; \infty)$.

Во втором упрощённом варианте модели будем рассматривать только индивидуумов популяций A_1 , A_5 . Примем, что численность популяции A_4 является неизменной и фиксирована на среднем уровне x_4^* . Исходя из соотношений (4.1)–(4.7), рассмотрим ветвящийся процесс с частицами двух типов: \mathcal{A}_1 , \mathcal{A}_5 . Частица \mathcal{A}_5 имеет экспоненциально распределённое время

жизни с параметром $r_1 x_4^* + r_2 + \lambda_5$. В конце своей жизни частица \mathcal{A}_5 погибает, не оставляя потомства с вероятностью $(r_2 + \lambda_5)/(r_1 x_4^* + r_2 + \lambda_5)$, или погибает и заменяется новой частицей \mathcal{A}_5 и производит частицу \mathcal{A}_1 с вероятностью $r_1 x_4^*/(r_1 x_4^* + r_2 + \lambda_5)$. Частица \mathcal{A}_1 имеет экспоненциально распределённое время жизни с параметром λ_1 , усечённое на уровне τ_{A_1} . Если частица \mathcal{A}_1 не доживает до возраста τ_{A_1} , то она погибает, не оставляя потомства. Если частица \mathcal{A}_1 доживает до возраста τ_{A_1} , то она погибает, не оставляя потомства, с вероятностью $1 - q_5$ или погибает и производит частицу \mathcal{A}_5 с вероятностью q_5 . Обозначим $R_0 = \frac{q_5 e^{-\lambda_1 \tau_{A_1}} r_1 x_4^*}{r_2 + \lambda_5}$.

Используя результаты работы [3] и опуская детали, имеем следующий результат: если $R_0 < 1$, $R_0 = 1$, $R_0 > 1$, то ветвящийся процесс с частицами двух типов является соответственно докритическим, критическим и надкритическим. Константу R_0 назовём базовым репродуктивным числом или коэффициентом распространения инфекции. Константа R_0 интерпретируется как среднее число инфицированных индивидуумов в расчёте на одного больного индивидуума за среднее время $1/(r_2 + \lambda_5)$ его пребывания в популяции \mathcal{A}_5 при условии, что численность популяции \mathcal{A}_4 составляет x_4^* индивидуумов. Отметим, что выражение для R_0 содержит только часть параметров модели.

В каждом из вычислительных экспериментов начальные численности популяций \mathcal{A}_4 , \mathcal{A}_5 таковы, что $x_4(0) = [x_4^*]$, $x_5(0) = 10$, численности остальных популяций равны нулю, где $[a]$ — целая часть числа a . Вероятность $P(t)$ оценивалась по выборке из 1000 реализаций моделируемого случайного процесса. Для построения точечной и интервальной оценок $P(t)$ использовались стандартные формулы математической статистики [22].

Вычислительные эксперименты проводились для трёх наборов параметров модели, которые включают опорный набор — первый эксперимент ($R_0 = 0.82$) и вариации некоторых параметров из опорного — второй эксперимент ($R_0 = 1.84$), третий эксперимент ($R_0 = 9.57$). Во всех экспериментах моделирование осуществлялось на промежутке $[0; a_{\text{mod}}]$, где $a_{\text{mod}} = 2000$ суток (приблизительно 5.5 лет). На каждом из рис. 1–3 приведены десять типичных реализаций вспомогательной переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$. На рис. 2, 3 пунктирной линией обозначена величина $\log_{10}(x_4^* + 1)$.

Опорный набор параметров модели (с учётом их размерности):

$$\begin{aligned} \rho_4 = 75, \quad \lambda_1 = \lambda_3 = \lambda_4 = 5.48 \cdot 10^{-5}, \quad \lambda_2 = 6.35 \cdot 10^{-5}, \quad \lambda_5 = 7.55 \cdot 10^{-5} \text{ (сутки}^{-1}\text{)}, \\ r_1 = 10^{-7}, \quad r_2 = 0.1 \text{ (сутки}^{-1}\text{)}, \\ \tau_{A_1} = 14, \quad \tau_{A_2} = 21, \quad \tau_{A_3} = 120 \text{ (сутки)}, \\ q_3 = 0.4, \quad q_5 = 0.6. \end{aligned}$$

Для приведённого набора параметров средняя численность взрослого населения региона на момент начала эпидемического процесса равна x_4^* и составляет около 1.4 миллиона индивидуумов.

Эксперимент 1. Использован опорный набор параметров. Здесь $R_0 = 0.82$. На рис. 1 приведены типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ для двух вариантов продолжительности сохранения иммунитета: $\tau_{A_3} = 120$ суток (рис. 1(a)) и $\tau_{A_3} = 240$ суток (рис. 1(b)).

Вычисления показывают, что при $R_0 = 0.82$ распространение эпидемии прекращается, поскольку $P(a_{\text{mod}}) = 1$. Более того, $P(1100) = 1$ при $\tau_{A_3} = 120$ суток и $P(1000) = 1$ при $\tau_{A_3} = 240$ суток. Последнее означает, что при $R_0 = 0.82$ эпидемический процесс завершается примерно в течение одного и того же периода времени, несмотря на двукратное различие в продолжительности τ_{A_3} .

Эксперимент 2. Использован опорный набор параметров, за исключением новых значений трёх параметров, а именно, $r_1 = 4.5 \cdot 10^{-7}$ сутки⁻¹, $q_3 = 0.7$, $q_5 = 0.3$. Для указанного набора параметров $R_0 = 1.84$. На рис. 2 приведены типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ для двух вариантов продолжительности сохранения иммунитета:

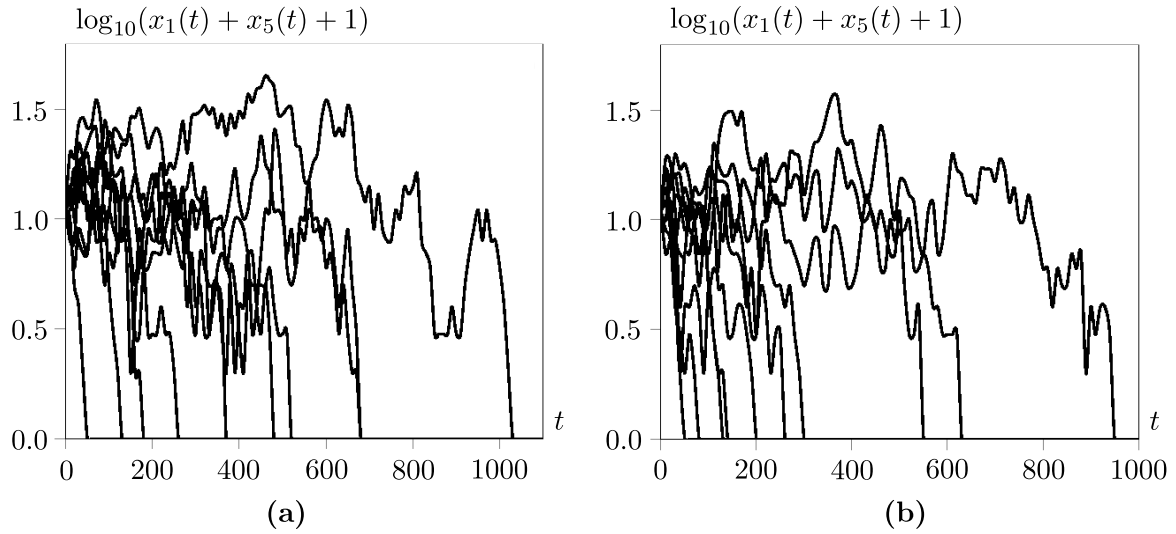


Рис. 1. Эксперимент 1: типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ при $R_0 = 0.82$ и различной продолжительности сохранения иммунитета: (a) $\tau_{A_3} = 120$ суток; (b) $\tau_{A_3} = 240$ суток

$\tau_{A_3} = 120$ суток (рис. 2(a)) и $\tau_{A_3} = 500$ суток (рис. 2(b)). Вычисления показывают, что максимальные значения типичных реализаций для переменной $x_1(t) + x_5(t)$ составляют 7–8 процентов от средней численности x_4^* восприимчивых индивидуумов при отсутствии инфекции. Для варианта (рис. 2(a)) оценка вероятности завершения эпидемического процесса крайне мала: $P(a_{\text{mod}}) = 0.004 \pm 0.0039$, для варианта (рис. 2(b)) близка к единице: $P(a_{\text{mod}}) = 0.993 \pm 0.005$. Следовательно, при увеличении продолжительности сохранения иммунитета τ_{A_3} вероятность завершения эпидемического процесса существенно увеличивается.

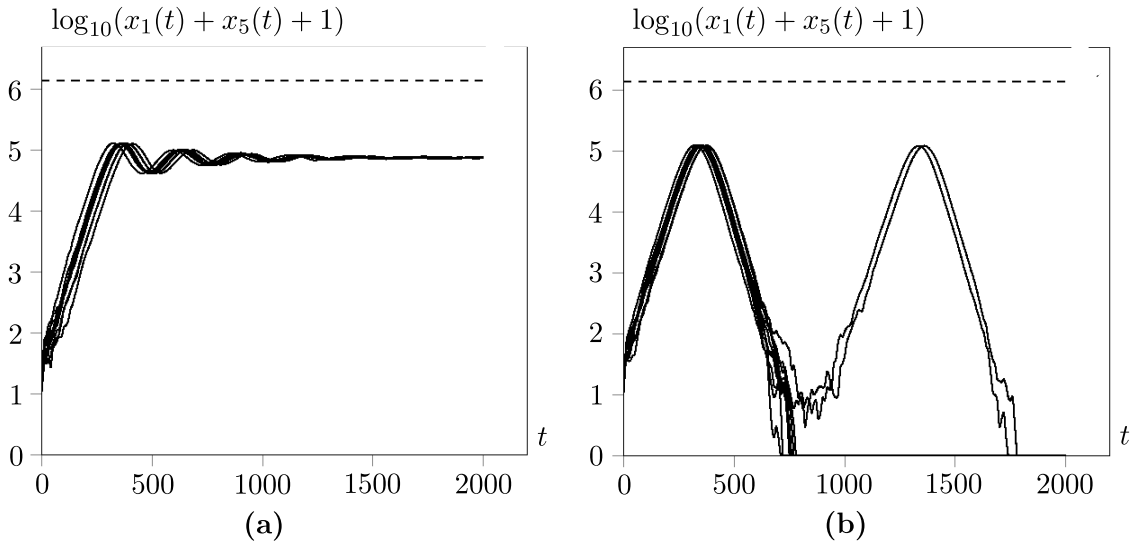


Рис. 2. Эксперимент 2: типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ при $R_0 = 1.84$ и различной продолжительности сохранения иммунитета: (a) $\tau_{A_3} = 120$ суток, (b) $\tau_{A_3} = 500$ суток

Эксперимент 3. Использован опорный набор параметров, за исключением новых значений трёх параметров $r_1 = 10^{-6}$ сутки $^{-1}$, $q_3 = 0.3$, $q_5 = 0.7$. Для указанного набора параметров $R_0 = 9.57$. На рис. 3 представлены типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ для двух вариантов продолжительности сохранения иммунитета: $\tau_{A_3} = 120$ суток (рис. 3(a))

и $\tau_{A_3} = 240$ суток (рис. 3(б)). В варианте 3(а) вероятность завершения эпидемического процесса равна нулю: $P(a_{\text{mod}}) = 0$, а типичные реализации имеют форму незатухающих колебаний. При увеличении τ_{A_3} (вариант 3(б)) эпидемический процесс после своего развития завершается, вероятность $P(700) = 1$. В каждом из двух представленных вариантов максимальные значения типичных реализаций для переменной $x_1(t) + x_5(t)$ составляют около 58–60 процентов от средней численности x_4^* восприимчивых индивидуумов при отсутствии инфекции.

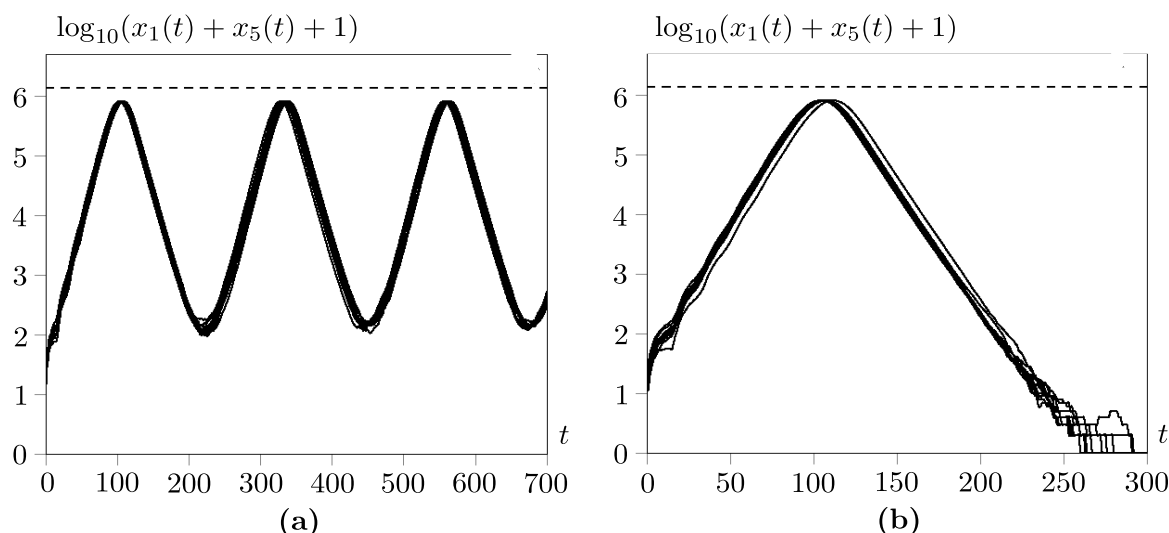


Рис. 3. Эксперимент 3: типичные реализации переменной $\log_{10}(x_1(t) + x_5(t) + 1)$ при $R_0 = 9.57$ и различной продолжительности сохранения иммунитета:
(а) $\tau_{A_3} = 120$ суток, (б) $\tau_{A_3} = 240$ суток

Приведённые выше результаты моделирования эпидемического процесса имеют следующую интерпретацию. В случае $R_0 > 1$ для завершения эпидемического процесса необходимо не только достижение высокого уровня коллективного иммунитета за счёт вакцинации населения или переболевших индивидуумов. Требуется поддержание высокого уровня коллективного иммунитета за счёт ревакцинация населения в течение длительного промежутка времени, если это возможно по биологическим, медицинским и другим показаниям. В случае $R_0 < 1$ нет необходимости в поддержании высокого уровня коллективного иммунитета за счёт вакцинации и ревакцинации населения, поскольку это не приводит к существенному уменьшению продолжительности времени до завершения эпидемического процесса.

В завершение отметим, что представленный в работе подход позволяет моделировать динамику взаимодействующих популяций, входящих в разнообразные биологические и социальные сообщества, возникающие в задачах эпидемиологии, иммунологии, биологии, экологии и демографии. Разработанная модель описывает динамику взаимодействующих популяций с помощью целочисленных переменных и учитывает в явной форме предысторию развития сообществ в форме семейств уникальных типов индивидуумов. Модель можно рассматривать как стохастический аналог интегродифференциальных уравнений или дифференциальных уравнений с запаздыванием, используемых для исследования динамики популяций.

ЛИТЕРАТУРА

1. Бартлетт М.С. Введение в теорию случайных процессов. М.: Изд-во иностр. лит., 1958.
2. Баруча-Рид А.Т. Элементы теории марковских случайных процессов и их приложения. М.: Наука, 1969.
3. Севастьянов Б.А. Ветвящиеся процессы. М.: Наука, 1971.

4. Jagers P. Branching Processes with Biological Applications. London: Wiley and Sons, 1975.
5. Nisbet R., Garney W. Modelling Fluctuating Populations. London: Wiley and Sons, 1982.
6. Перцев Н.В. Вероятностная модель инфекционного заболевания. (Препринт ВЦ СО АН СССР, Новосибирск, 1984. № 107).
7. Марчук Г.И. Математические модели в иммунологии. М.: Наука, 1985.
8. Перцев Н.В., Пичугин Б.Ю. Применение метода Монте-Карло для моделирования динамики сообществ взаимодействующих индивидуумов // Вестн. Воронеж. гос. техн. ун-та. 2006. Т. 2, № 5. С. 70–76.
9. Barbour A.D., Luczak M.J. Individual and patch behaviour in structured metapopulation models // J. Math. Biol. 2015. V. 71, N 3. P. 713–733.
10. Hyrien O., Peslak S.A., Yanev N., Palis J. Stochastic modeling of stress erythropoiesis using a two-type age-dependent branching process with immigration // J. Math. Biol. 2015. V. 70, N 7. P. 1485–1521.
11. Chou T., Greenman C.D. A hierarchical kinetic theory of birth, death and fission in age-structured interacting populations // J. Stat. Phys. 2016. V. 164, N 1. P. 49–76.
12. Pichugin B.J., Pertsev N.V., Topchii V.A., Loginov K.K. Stochastic modeling of age-structured population with time and size dependence of immigration rate // Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling. 2018. V. 33, N 5. P. 289–299.
13. Логинов К.К., Перцев Н.В., Топчий В.А. Стохастическое моделирование компартментных систем с трубками // Мат. биология и биоинформатика. 2019. Т. 14, № 1. С. 188–203.
14. Перцев Н.В., Пичугин Б.Ю., Логинов К.К. Стохастический аналог модели динамики ВИЧ-1 инфекции, описываемой дифференциальными уравнениями с запаздыванием // Сиб. журн. индустр. математики. 2019. Т. 22, № 1. С. 74–89.
15. Перцев Н.В., Логинов К.К., Топчий В.А. Анализ стадия-зависимой модели эпидемии, построенной на основе немарковского случайного процесса // Сиб. журн. индустр. математики. 2020. Т. 23, № 3. С. 105–122.
16. Логинов К.К., Перцев Н.В. Прямое статистическое моделирование распространения эпидемии на основе стадия-зависимой стохастической модели // Мат. биология и биоинформатика. 2021. Т. 16, № 2. С. 169–200.
17. Бочаров Г.А., Логинов К.К., Перцев Н.В., Топчий В.А. Прямое статистическое моделирование динамики ВИЧ-1 инфекции на основе немарковской стохастической модели // Журн. вычисл. математики и мат. физики. 2021. Т. 61, № 8. С. 1245–1268.
18. Marchenko M.A., Mikhailov G.A. Parallel realization of statistical simulation and random number generators // Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling. 2002. V. 17. P. 113–124.
19. Marchenko M. PARMONC — a software library for massively parallel stochastic simulation // Parallel Computing Technologies. Berlin; Heidelberg: Springer-Verl., 2011. V. 6873. P. 302–316. (Lecture Notes in Computer Science).
20. Михайлов Г.А., Войтишек А.В. Численное статистическое моделирование. Методы Монте-Карло. М.: Академия, 2006.
21. Михайлов Г.А. Замечания о практически эффективных алгоритмах численного статистического моделирования // Сиб. журн. вычисл. математики. 2014. Т. 17, № 2. С. 177–190.
22. Крамер Г. Математические методы статистики. М.: Мир, 1975.

UDC 519.24:51-76

NUMERICAL STOCHASTIC MODELING OF DYNAMICS
OF INTERACTING POPULATIONS© 2022 N. V. Pertsev^a, V. A. Topchii^b, K. K. Loginov^c*Sobolev Institute of Mathematics SB RAS,
pr. Acad. Koptiyuga 4, Novosibirsk 630090, Russia*E-mails: ^ahomlab@ya.ru, ^btopchij@gmail.com, ^ckloginov85@mail.ru

Received 11.01.2022, revised 11.01.2022, accepted 13.01.2022

Abstract. A continuous-discrete stochastic model of the dynamics of populations of interacting individuals is considered. The model is interpreted as a multidimensional random process for the number of different populations. The model description is based on a combination of both the Markov approach for the influx of individuals from an external source, the death of individuals under the influence of natural causes, the interaction of individuals, entailing their simultaneous death, transformation and generation of offspring in different populations, and the presence of non-Markov restrictions on the duration of stay of individuals in some populations. A formal probability-theoretic description of the model is given, taking into account the current state of populations and the prehistory of their development. The algorithm of direct statistical modeling of the dynamics of the components of the constructed random process is presented. Based on the algorithm, a numerical study of the stage-dependent stochastic model of the epidemic process was carried out.

Keywords: population dynamics, development of populations dependent on the past, continuous-discrete random process, Monte-Carlo method, stage-dependent model, epidemiology.

DOI: 10.33048/SIBJIM.2022.25.312

REFERENCES

1. Bartlett M. S. Vvedenie v teoriyu sluchainykh protsessov [An introduction to stochastic processes]. Moscow: Foreign Literature Press, 1958 (in Russian).
2. Barucha-Rid A.T. Elementy teorii markovskikh protsessov i ikh prilozheniya [Elements of the theory of markov processes and their applications]. Moscow: Nauka, 1969 (in Russian).
3. Sevast'yanov B.A. Vetryashchiesya protsessy [Branching processes]. Moscow: Nauka, 1971 (in Russian).
4. Jagers P. Branching Processes with Biological Applications. London: Wiley & Sons, 1975.
5. Nisbet R., Garney W. Modelling Fluctuating Populations. London: Wiley & Sons, 1982.
6. Pertsev N.V. Veroyatnostnaya model infektsionnogo zabolevaniya [Probabilistic model of infectious disease]. Preprint Vych. Centr SO AN SSSR, 1984, No. 107 (in Russian).
7. Marchuk G.I. Matematicheskie modeli v immunologii [Mathematical models in immunology]. Moscow: Nauka, 1985 (in Russian).
8. Pertsev N.V., Pichugin B.J. Primenenie metoda Monte-Carlo dlia modelirovaniya dinamiki soobshestv vzaimodeistvuyushih individuumov [Application of the Monte Carlo method for modeling the dynamics of communities of interacting individuals]. *Vestn. Voronezh Gos. Techn. Universiteta*, 2006, Vol. 2, No. 5. pp. 70–76 (in Russian).
9. Barbour A.D., Luczak M.J. Individual and patch behaviour in structured metapopulation models. *J. Math. Biol.*, 2015, Vol. 71, No. 3, pp. 713–733.

10. Hyrien O., Peslak S.A., Yanev N., Palis J. Stochastic modeling of stress erythropoiesis using a two-type age-dependent branching process with immigration. *J. Math. Biol.*, 2015, Vol. 70, No. 7, pp. 1485–1521.
11. Chou T., Greenman C.D. A hierarchical kinetic theory of birth, death and fission in age-structured interacting populations. *J. Stat. Phys.*, 2016, Vol. 164, No. 1, pp. 49–76.
12. Pichugin B.J., Pertsev N.V., Topchii V.A., Loginov K.K. Stochastic modeling of age-structured population with time and size dependence of immigration rate. *Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling*, 2018, Vol. 33, No. 5, pp. 289–299.
13. Loginov K.K., Pertsev N.V., Topchii V.A. Stokhasticheskoe modelirovanie kompartmentnykh sistem s trubkami [Stochastic modeling of compartmental systems with pipes]. *Mat. Biol. Bioinform.*, 2019, Vol. 14, No. 1, pp. 188–203 (in Russian).
14. Pertsev N.V., Pichugin B.Yu., Loginov K.K. Stochastic analog of the dynamic model of HIV-1 infection described by delay differential equations. *J. Appl. Ind. Math.*, 2019, Vol. 13, No. 1, pp. 103–117.
15. Pertsev N.V., Loginov K.K., Topchii V.A. Analysis of a stage-dependent epidemic model based on a non-markov random process. *J. Appl. Ind. Math.*, 2020, Vol. 14, No. 3, pp. 566–580.
16. Loginov K.K., Pertsev N.V. Priamoe statisticheskoe modelirovanie rasprostraneniya epidemii na osnove stadia-zavisimoi stohasticheskoi modeli [Direct statistical modeling of epidemic spread based on a stage-dependent stochastic model. *Mat. Biol. Bioinform.*, 2021, Vol. 16, No. 2, pp. 169–200 (in Russian).
17. Bocharov G.A., Loginov K.K., Pertsev N.V., Topchii V.A. Direct Statistical Modeling of HIV-1 Infection Based on a Non-Markovian Stochastic Model. *Comput. Math. Math. Phys.*, 2021, Vol. 61, No. 8, pp. 1229–1251.
18. Marchenko M.A., Mikhailov G.A. Parallel realization of statistical simulation and random number generators. *Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling*, 2002, Vol. 17, pp. 113–124.
19. Marchenko M. PARMONC — a software library for massively parallel stochastic simulation. *Parallel Computing Technologies*. Berlin; Heidelberg: Springer-Verl, 2011, Vol. 6873, pp. 302–316. (Lecture Notes in Computer Science).
20. Mikhailov G.A., Voitishchek A.V. Chislennoe statisticheskoe modelirovanie. Metody Monte-Karlo [Numerical Statistical Modeling. Monte Carlo methods]. Moscow: Academy, 2006 (in Russian).
21. Mikhailov G.A. Zamechania o prakticheski effektivnykh algoritmah chislennogo statisticheskogo modelirovaniya [Remarks on practically effective algorithms for numerical statistical modeling]. *Sib. J. Comput. Mathematics*, 2014, Vol. 17, No. 2, pp. 177–190 (in Russian).
22. Kramer G. Mathematical Methods of Statistics. Princeton: Princeton Univ. Press, 1946.