

УДК 519.24:51-76

ЧИСЛЕННОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ДИНАМИКИ ПОПУЛЯЦИЙ НА ОСНОВЕ СТОХАСТИЧЕСКОЙ СТАДИЯ-ЗАВИСИМОЙ МОДЕЛИ С НЕМАРКОВСКИМИ ОГРАНИЧЕНИЯМИ ДЛЯ ИНДИВИДУУМОВ

Перцев Н.В., Логинов К.К. (Москва)

Введение

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 учет возраста индивидуумов, промежуточных стадий развития индивидуумов, формирования потомства при прохождении индивидуумом одной или нескольких стадий развития и взаимодействия индивидуумов. Примеры стохастических стадия-зависимых и возраст-зависимых моделей представлены в [6–10] и в ссылках этих работ на публикации других авторов.

В настоящей работе приведена вероятностная формализация одностадийной стохастической модели динамики популяции. Специфика и новизна модели состоит в детальной формализации стохастического процесса, описывающего динамику некоторой популяции с учетом двух достаточно произвольных функций. Первая функция задает скорость притока в популяцию новых индивидуумов и нелинейным образом зависит от текущей численности популяции. Вторая функция задает распределение длительности пребывания индивидуумов в популяции. Принято, что распределение длительности пребывания индивидуумов в популяции отлично от экспоненциального или геометрического распределений. Это предположение приводит к немарковским ограничениям для описания динамики численности индивидуумов. Переменными одно-стадийной стохастической модели являются целочисленная случайная величина, отражающая численность популяции в фиксированный момент времени t , и семейство уникальных типов индивидуумов, задающее предысторию развития популяции до момента t . Семейство уникальных типов индивидуумов включает последовательные моменты времени поступления индивидуумов в популяцию, содержит длительности пребывания индивидуумов в популяции, задаваемые случайными величинами с указанной функцией распределения и индикаторы перехода индивидуумов в другие популяции. Предложенный подход дополняет способы построения стохастических моделей в рамках марковских случайных процессов. Для численного исследования динамики популяции разработан алгоритм прямого статистического моделирования, основанный на применении метода Монте-Карло.

Представлен пример исследования динамики малочисленной популяции. Для планирования вычислительных экспериментов с моделью использован ее детерминированный аналог в форме интегрального уравнения.

1. Описание одностадийной стохастической модели

1.1. Будем изучать динамику некоторой популяции A . Полагаем, что популяция A может пополняться новыми индивидуумами из некоторого источника S . Каждый

индивидуум, поступивший в популяцию A , пребывает в ней в течение случайного периода времени, и в силу различных причин может досрочно покинуть популяцию. Обозначим через D и B популяции, в которые поступают индивидуумы после завершения пребывания в популяции A . Популяция D может отражать погибших индивидуумов, популяция B – следующую стадию развития индивидуумов популяции A . Примем, что вещественная переменная t означает время, $[0; T_{mod}]$ – промежуток моделирования, в течение которого изучается динамика популяции A . Обозначим через $(t; t + h) \subset [0; T_{mod}]$ бесконечно малый промежуток времени, $h \rightarrow +0$.

Введем параметры модели. Пусть $\rho_A(z)$ – функция от целочисленной неотрицательной переменной $z \in Z_+$, удовлетворяющая условию: $0 < \rho_A(z) \leq \rho_A^*$ для всех $z \in Z_+$, где $\rho_A^* > 0$ – некоторая константа. Для фиксированного z функция $\rho_A(z)$ означает скорость поступления нового индивидуума популяции A из источника S . Случайная величина $\varphi_A = \min\{\xi_A, \omega_A\}$ означает длительность пребывания индивидуума, поступившего в популяцию A , до перехода этого индивидуума в популяцию D или B . Здесь: $\xi_A \sim \text{Exp}(\mu_A)$ – случайная величина, экспоненциально распределенная с параметром $\mu_A > 0$, случайная величина ω_A распределена на конечном промежутке $[0; \omega_*]$, $\omega_* > 0$, с функцией распределения F_{ω_A} , $F_{\omega_A}(+0) = 0$, $F_{\omega_A}(\omega_*) = 1$.

Обозначим через $A(t)$ численность популяции A в момент времени t , $t \in [0; T_{mod}]$. В начальный момент времени $t = 0$ популяция A либо не содержит, либо содержит некоторое количество первоначально существующих индивидуумов, $A(0) = A_0 = \text{const} \geq 0$. Для каждого фиксированного $t > 0$ под $A(t)$ понимается неотрицательная целочисленная случайная величина. Зафиксируем t и положим, что $A(t) = x$ – неотрицательная целочисленная константа. Модель опирается на два следующих предположения.

Предположение 1. Независимо от предшествующих моменту времени t событий в течение промежутка $(t; t + h)$ с вероятностью $\rho_A(x)h + o(h)$ популяция A пополняется одним индивидуумом, поступающим из S ; вероятность поступления из S в популяцию A более одного индивидуума за $(t; t + h)$ равна $o(h)$; популяция A не пополняется из S за $(t; t + h)$ с вероятностью $1 - \rho_A(x)h + o(h)$.

Предположение 2. Пусть индивидуум появился в популяции A в момент времени $t_A \leq t$. Полагаем, что для этого индивидуума величины ξ_A , ω_A являются независимыми между собой, не зависят от t_A и не зависят от поведения остальных индивидуумов популяции. Индивидуум покидает популяцию A в момент времени $t_A + \min\{\xi_A, \omega_A\}$.

1.2. Для учета предыстории формирования популяции A в дополнение к переменной $A(t)$ введем семейство уникальных типов $\Omega_A(t)$ индивидуумов этой популяции, $t \in [0; T_{mod}]$. Положим, что переменная $N_A(t)$ означает неотрицательную целочисленную константу или случайную величину, задающую количество индивидуумов, поступивших в популяцию A за промежуток времени $(-\omega_*; t]$. Если $t = 0$, то $N_A(0)$ учитывает первоначально существующих индивидуумов, численность которых равна A_0 . При $t > 0$ $N_A(t)$ отражает первоначально существующих индивидуумов популяции A и новых индивидуумов, поступивших в эту популяцию в течение промежутка времени $(0; t]$.

Обозначим через $j = 1, 2, \dots, N_A(t)$ порядковый номер поступления очередного индивидуума в популяцию A , а через $A(j)$ – индивидуума этой популяции с порядковым номером поступления j . Примем, что набор

$$-\omega_* < t_{A(1)}, t_{A(2)}, \dots, t_{A(j)}, \dots, t_{A(N_A(t))} \leq t \quad (1)$$

задает моменты поступления индивидуумов в популяцию A до момента времени t (включительно), учитывая и первоначально существующих индивидуумов этой

популяции. При $t = 0$ элементы набора (1) рассматриваются как начальные данные, отражающие первоначально существующих индивидуумов популяции, и представляют собой константы, удовлетворяющие соотношениям

$$-\omega_* < t_{A(1)} < t_{A(2)} < \dots < t_{A(j)} < \dots < t_{A(N_A(0))} \leq 0. \quad (2)$$

При $t = T_{mod}$ элементы набора (1) учитывают первоначально существующих индивидуумов популяции A и индивидуумов, поступивших в популяцию A за период $(0; T_{mod}]$.

Опираясь на предположения 1, 2 и свойства функции $\rho_A(z)$, получаем, что неограниченный рост численности популяции A на промежутке $[0; T_{mod}]$ невозможен, и в популяцию A за промежуток времени $[0; T_{mod}]$ поступает конечное случайное количество индивидуумов $N_A(T_{mod})$. Из предположения 1 следует, что каждый момент $t_{A(j)} > 0$, указанный в (1), обусловлен случайной величиной с экспоненциальным распределением, параметр которого зависит от текущей численности популяции A . Учитывая, что экспоненциальное распределение относится к распределениям абсолютно непрерывного типа и привлекая (2), получаем, что для каждого фиксированного $t \in (0; T_{mod}]$ вероятность совпадения любой пары, тройки и т.д. из набора элементов, указанных в (1), равна нулю. Как следствие, для каждого фиксированного $t \in [0; T_{mod}]$ имеют место соотношения

$$-\omega_* < t_{A(1)} < t_{A(2)} < \dots < t_{A(j)} < \dots < t_{A(N_A(t))}. \quad (3)$$

Соотношения (3) означают, что индивидуумы популяции A различимы между собой по моментам $t_{A(j)}$ поступления в популяцию. Кроме того, из предположения 2 следует, что индивидуумы популяции A различимы между собой по моментам времени $t_{A(j)} + \min\{\xi_{A(j)}, \omega_{A(j)}\}$, в которые они покидают популяцию.

Пусть величина

$$\varphi_{A(j)} = \min\{\xi_{A(j)}, \omega_{A(j)}\} \quad (4)$$

означает длительность пребывания индивидуума $A(j)$ в популяции A до перехода этого индивидуума в популяцию D или B . Обозначим через $\eta_{A(j)}$ индикатор «судьбы» индивидуума $A(j)$:

$$\text{если } \xi_{A(j)} \leq \omega_{A(j)}, \text{ то } \eta_{A(j)} = 0, \text{ если } \xi_{A(j)} > \omega_{A(j)}, \text{ то } \eta_{A(j)} = 1. \quad (5)$$

Используя (4), (5), введем тройку

$$(t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}), \quad (6)$$

которую назовем уникальным типом индивидуума $A(j)$, $1 \leq j \leq N_A(T_{mod})$.

Для фиксированного $t \in [0; T_{mod}]$ под $\Omega_A(t)$ будем понимать семейство уникальных типов индивидуумов популяции A , содержащее $N_A(t) \geq 1$ троек (6):

$$\Omega_A(t) = \{(t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}) : t_{A(j)} \leq t, 1 \leq j \leq N_A(t)\}. \quad (7)$$

Если для некоторого $t \in [0; T_{mod}]$ верно $N_A(t) = 0$, то полагаем, что

$$\Omega_A(t) = \emptyset. \quad (8)$$

Выразим $A(t)$ через $N_A(t)$ и $\Omega_A(t)$ для фиксированного $t \in [0; T_{mod}]$. Если $N_A(t) = 0$, то верно (8), и $A(t) = 0$. Если $N_A(t) \geq 1$, то верно (7), и $A(t) = |\widehat{\Omega}_A(t)|$ – мощность семейства

$$\widehat{\Omega}_A(t) = \{(t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}) \in \Omega_A(t) : t_{A(j)} + \varphi_{A(j)} > t, 1 \leq j \leq N_A(t)\}. \quad (9)$$

Семейство $\widehat{\Omega}_A(t)$, приведенное в (9), учитывает всех индивидуумов популяции A , существующих в момент времени t , а именно: индивидуумов, появившихся в популяции до момента t (включительно), и завершающих свое пребывание в этой популяции в моменты времени, следующие за t .

1.3. В дополнение к $A(t)$ и $\Omega_A(t)$ введем вспомогательные переменные $D(t)$, $B(t)$. Примем, что $D(t)$, $B(t)$ отражают количество индивидуумов популяции A ,

поступивших соответственно в популяции D и B за промежутки времени $[0; t]$ при $0 < t \leq T_{mod}$ и, кроме того, $D(0) = 0, B(0) = 0$.

2. Рекуррентные соотношения для переменных модели и алгоритм численного моделирования

2.1. Динамику популяции A будем описывать с помощью случайного процесса

$$H(t) = (A(t), N_A(t), D(t), B(t), \Omega_A(t)), t \in [0; T_{mod}]. \quad (10)$$

Следуя [11], закономерности изменения компонент процесса $H(t)$ (его выборочные функции) на промежутке времени $[0; T_{mod}]$ зададим с помощью последовательности пар

$$(t_m, H(t_m)), m = 0, 1, 2, \dots, t_m \leq T_{mod}, \quad (11)$$

где $t_0 = 0$ – начальный момент времени. Исходя из (1)–(10), примем, что компоненты $H(t_0)$ таковы, что

$$A(t_0) = A_0, N_A(t_0) = A_0, D(t_0) = 0, B(t_0) = 0, \quad (12)$$

$$\Omega_A(t_0) = \Omega_A^{(0)}, \text{ если } N_A(t_0) \geq 1, \Omega_A(t_0) = \emptyset, \text{ если } N_A(t_0) = 0. \quad (13)$$

Семейство $\Omega_A^{(0)}$ имеет вид

$$\Omega_A^{(0)} = \{(t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}) : t_{A(j)} \leq t_0 < t_{A(j)} + \varphi_{A(j)}, 1 \leq j \leq N_A(t_0)\}, \quad (14)$$

и содержит заданные (неслучайные) тройки (6), для элементов которых выполнены соотношения (2).

2.2. Построим рекуррентные соотношения для последовательности (11).

Зафиксируем $m = 0, 1, 2, \dots$ и компоненты процесса $H(t_m)$:

$$H(t_m) = (A(t_m), N_A(t_m), D(t_m), B(t_m), \Omega_A(t_m)), \quad (15)$$

$$\Omega_A(t_m) = \emptyset, \text{ если } N_A(t_m) = 0, \quad (16)$$

$$\Omega_A(t_m) = \{(t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}) : t_{A(j)} \leq t_m, 1 \leq j \leq N_A(t_m)\}, \text{ если } N_A(t_m) \geq 1. \quad (17)$$

В формулу (15) входят неотрицательные целочисленные константы $A(t_m), N_A(t_m), D(t_m), B(t_m)$. Если $N_A(t_m) \geq 1$, то (15) включает семейство $\Omega_A(t_m)$, заданное (17), каждый элемент которого содержит две вещественные и одну целочисленную неотрицательную константу.

Используя (15)–(17), введем величины τ_m и ψ_m . Положим, что величина τ_m имеет экспоненциальное распределение с параметром $\rho_A(A(t_m))$. Величину ψ_m зададим соотношениями

$$\psi_m = \min_{1 \leq j \leq N_A(t_m)} \{t_{A(j)} + \varphi_{A(j)} : t_{A(j)} + \varphi_{A(j)} > t_m\}, \text{ если } A(t_m) \geq 1, \quad (18)$$

$$\psi_m = +\infty, \text{ если } A(t_m) = 0. \quad (19)$$

Обозначим через $(t_{A(*)}, \varphi_{A(*)}, \eta_{A(*)})$ единственную тройку элементов из (17), на которой в (18) достигается равенство $\psi_m = t_{A(*)} + \varphi_{A(*)}$.

Положим

$$t_{m+1} = \min\{T_{mod}, \psi_m, t_m + \tau_m\}. \quad (20)$$

Примем, что

$$H(t) = H(t_m), t \in [t_m, t_{m+1}). \quad (21)$$

Если в (20) $t_{m+1} = T_{mod}$, то

$$H(t_{m+1}) = H(t_m). \quad (22)$$

Соотношения (21), (22) завершают описание процесса $H(t)$.

Пусть в (20) $t_{m+1} = \psi_m$. Тогда

$$A(t_{m+1}) = A(t_m) - 1, \quad (23)$$

$$D(t_{m+1}) = D(t_m) + 1, B(t_{m+1}) = B(t_m), \text{ если } \eta_{A(*)} = 0,$$

$$D(t_{m+1}) = D(t_m), B(t_{m+1}) = B(t_m) + 1, \text{ если } \eta_{A(*)} = 1,$$

$$N_A(t_{m+1}) = N_A(t_m), \Omega_A(t_{m+1}) = \Omega_A(t_m).$$

Пусть в (20) $t_{m+1} = t_m + \tau_m$. Тогда

$$\begin{aligned} A(t_{m+1}) &= A(t_m) + 1, \quad N_A(t_{m+1}) = N_A(t_m) + 1, \\ D(t_{m+1}) &= D(t_m), \quad B(t_{m+1}) = B(t_m), \\ j &= N_A(t_{m+1}), \quad \Omega_A(t_{m+1}) = \Omega_A(t_m) \cup (t_{A(j)}, \varphi_{A(j)}, \eta_{A(j)}), \\ t_{A(j)} &= t_{m+1}, \quad \varphi_{A(j)} = \min\{\xi_{A(j)}, \omega_{A(j)}\}, \quad \xi_{A(j)} \sim \text{Exp}(\mu_A), \quad \omega_{A(j)} \sim F_{\omega_A}, \\ \eta_{A(j)} &= 0, \text{ если } \xi_{A(j)} \leq \omega_{A(j)}, \quad \eta_{A(j)} = 1, \text{ если } \xi_{A(j)} > \omega_{A(j)}. \end{aligned} \quad (24)$$

Заменяем m на $m+1$ и возвращаемся к соотношениям (15)–(24).

2.3. Для получения реализаций случайного процесса $H(t)$ применяется метод Монте-Карло. В начале вычислений фиксируется промежуток $[0; T_{mod}]$, задаются параметры модели и начальные данные. Задается константа $\psi_\infty > T_{mod}$, используемая для величины ψ_m в формуле (19) вместо символа « $+\infty$ ». Далее моделируется последовательность (11), опирающаяся на соотношения (15)–(24). Моделирование конкретной реализации останавливается, когда $t_{m+1} \geq T_{mod}$. Моделирование процесса $H(t)$ завершается при получении заданного количества реализаций. Для генерации возникающих случайных величин используются формулы и датчики псевдослучайных чисел, описанные в [12], [13], [14].

Отметим, что при увеличении численности популяции A до значений $A(t) \sim 10^6$ существенно возрастают вычислительные затраты на поиск величины ψ_m , указанной в (18). Здесь требуется привлечение методов работы с большими массивами данных и алгоритмов параллельных вычислений. Еще один способ ускорения вычислений связан с использованием дискретной функции распределения $F_{\omega_A}(u)$. В этом случае можно ввести несколько вспомогательных семейств уникальных типов индивидуумов популяции A . Каждое вспомогательное семейство будет упорядочено по моментам времени, в которые индивидуумы покидают популяцию A и переходят в популяцию B . Еще одно дополнительное семейство будет содержать неупорядоченные моменты времени, в которые индивидуумы покидают популяцию A и переходят в популяцию D . Формирование уникального типа индивидуума и отнесение его к вспомогательному или дополнительному семейству моделируется сразу после появления индивидуума в популяции A . Текущее значение величины ψ_m либо сохраняется неизменным, либо новое значение ψ_m находится за несколько операций сравнения.

3. Пример

Пусть $[0; T_{mod}] = [0; 30]$ суток. Примем, что $\rho_A(z) = r_1 \exp\{-\beta z\} + r_2$, $z \in Z_+$, размерность параметров r_1, r_2 сутки⁻¹, β – безразмерный параметр. Функция $F_{\omega_A}(u)$ задает равномерное распределение случайной величины ω_A на промежутке $[0; \omega_A^*]$ суток, параметр μ_A распределения $\xi_A \sim \text{Exp}(\mu_A)$ имеет размерность сутки⁻¹. Положим, что $A(0) = A_0 = 0$. Модель описывает процесс формирования некоторой популяции, регулируемый с помощью отрицательной обратной связи.

Обозначим: $L_{\omega_A}(s) = 1 - F_{\omega_A}(s)$, $s \geq 0$,

$$\theta_A = \int_0^\infty L_{\omega_A}(s) e^{-\mu_A s} ds = \frac{1}{\mu_A} \left(1 - \frac{1}{\mu_A \omega_A^*} (1 - e^{-\mu_A \omega_A^*}) \right). \quad (25)$$

Константа $\theta_A > 0$, заданная (25), интерпретируется как среднее время пребывания индивидуумов в популяции A .

Для предварительного анализа возможного поведения $A(t)$ рассмотрим детерминированный аналог построенной модели в форме интегрального уравнения

$$x_A(t) = \int_0^t L_{\omega_A}(s) e^{-\mu_A s} \rho_A(x_A(t-s)) ds, \quad t \geq 0. \quad (26)$$

В уравнении (26) под решением $x_A(t)$ понимается непрерывная неотрицательная вещественная функция, описывающая численность популяции A в момент времени $t \in$

$[0; \infty)$. Уравнение (26) представляет собой частный случай модели динамики популяции, исследованной в работе [15]. Приведем некоторые результаты из [15]. Пусть x_A^* – единственный корень уравнения

$$x = \theta_A \rho_A(x), \quad x \in [0; \infty). \quad (27)$$

Из (26), (27) следует, что если для решения $x_A(t)$ существует конечный

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} x_A(t) = x_A(+\infty), \quad (28)$$

то $x_A(+\infty) = x_A^*$. Одно из условий, необходимых для существования предела (28), выполнено, поскольку в точке $x = x_A^*$ верно неравенство $d\rho_A(x)/dx < 0$. Достаточные условия для существования предела (28) приведены в [15].

Возвращаясь к стохастической модели, рассмотрим динамику численности популяции $A(t)$ для набора параметров модели (размерность параметров указана выше):

$$r_1 = 150, \quad r_2 = 25, \quad \beta = 0.01, \quad \mu_A = 0.1, \quad \omega_A^* = 5. \quad (29)$$

Используя (29), находим, что корень уравнения (27) таков, что $x_A^* = 136.62$ (с точностью до двух десятичных знаков).

На рис. 1 приведено десять типичных реализаций численности популяции $A(t)$ для набора параметров (29).

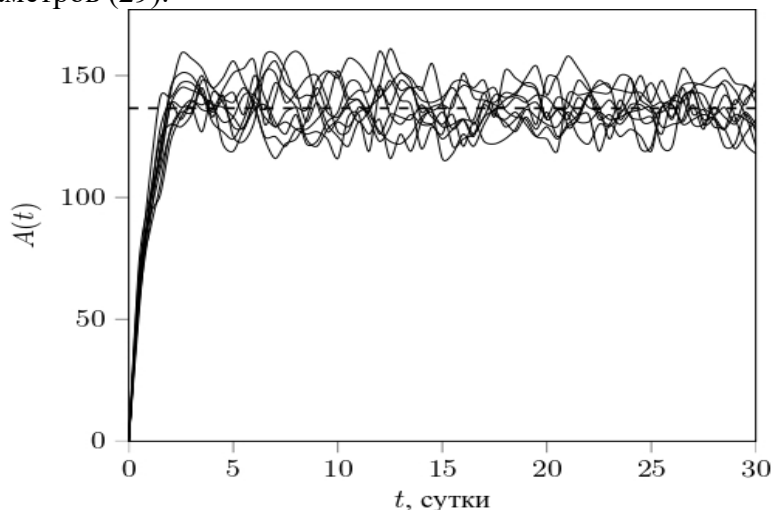


Рис. 1. Типичные реализации численности популяции $A(t)$ для набора параметров (29); пунктирной линией обозначено значение $x_A^* = 136.62$.

В табл. 1 представлены интервальные оценки математического ожидания $EA(t)$ для фиксированных $t \in [0; T_{mod}]$ на уровне доверия $P = 0.99$, полученные по выборке из $N = 1000$ реализаций случайного процесса $H(t)$ по формулам для выборок большого объема [16]. Из рис. 1 и табл. 1 видно, что результаты стохастического моделирования хорошо согласуются с аналитическим исследованием детерминированной модели (25). Отметим, что реализации $A(t)$ после завершения переходного периода на промежутке времени $t \in [0; 5]$ суток выходят на уровень, близкий к x_A^* , и далее совершают колебания в ограниченном диапазоне относительно x_A^* . Кроме того, математическое ожидание $A(t)$ принимает значения, достаточно близкие к x_A^* , несмотря на нелинейность модели.

Таблица 1

Интервальные оценки математического ожидания $EA(t)$ на уровне доверия $P = 0.99$
для набора параметров (29)

t , сутки	$EA(t)$
-------------	---------

0	0
5	137.040 ± 0.699
10	135.952 ± 0.714
15	136.249 ± 0.689
20	135.766 ± 0.699
25	135.871 ± 0.682
30	135.990 ± 0.685

Приведенный пример демонстрирует удачное использование детерминированного подхода для предварительного анализа стохастической модели и планирования вычислительного эксперимента с моделью.

Заключение

Предложенный в работе подход служит методологической основой для построения стохастических моделей динамики популяций, в которых важным фактором является ограниченность времени пребывания индивидуумов в той или иной популяции. Экспоненциальный или геометрический законы распределения не учитывают оставшееся время пребывания индивидуума в популяции, что приводит к несовершенству некоторых моделей с медицинской или биологической точки зрения. Стохастические стадия-зависимые модели могут быть использованы для исследования динамики взаимодействующих популяций в задачах иммунологии, онкологии, эпидемиологии и демографии.

Примеры построенных ранее моделей на основе описанного в работе подхода приведены в [17], [18]. В работе [17] показано согласие результатов численного моделирования по искоренению ВИЧ-1 инфекции в течение короткого промежутка времени с реально наблюдаемыми клиническими данными. В работе [18] предложенный подход использован для описания миграционного притока латентно-инфицированных индивидуумов и их контактов с восприимчивыми индивидуумами некоторого региона. Вариация параметров потока латентно-инфицированных индивидуумов совместно с вариацией параметров контактов индивидуумов позволила адекватно описать имеющиеся реальные данные по показателю серопревалентности населения Новосибирской области за период 2020 г.

Примечание: работа выполнена в Институте вычислительной математики им. Г. И. Марчука РАН (ИВМ РАН) в рамках проекта Российского научного фонда, № 23-11-00116.

Литература

1. Бартлетт М.С. Введение в теорию случайных процессов. М.: Иностранная литература, 1958. 384 с.
2. Баруча-Рид А.Т. Элементы теории марковских случайных процессов и их приложения. М.: Наука, 1969. 512 с.
3. Севастьянов Б.А. Ветвящиеся процессы. М.: Наука, 1971. 436 с.
4. Jagers P. Branching processes with biological applications. London: Wiley and Sons, 1975. 268 p.
5. Nisbet R., Garney W. Modelling fluctuating populations. London: Wiley and Sons, 1982. 379 p.
6. Марчук Г.И. Математические модели в иммунологии. Изд. 2-е, перераб. и доп. М.: Наука, 1985. 239 с.

7. Перцев Н.В., Пичугин Б.Ю. Применение метода Монте-Карло для моделирования динамики сообществ взаимодействующих индивидуумов // Вестник Воронежского государственного технического университета. 2006. Т. 2, № 5. С. 70–76.

8. 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. doi: 10.1007/s00285-014-0834-3

9. 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. doi: 10.1007/s00285-014-0803-x

10. 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. doi: 10.1007/s10955-016-1524-x

11. Гихман И.И., Скороход А.В. Введение в теорию случайных процессов. М.: Наука, 1977. 568 с.

12. Marchenko M.A., Mikhailov G.A. Parallel realization of statistical simulation and random number generators. *Russ. J. Numer. Anal. Math. Modelling.* 2002, Vol. 17, No. 1, pp. 113–124. doi: 10.1515/rnam-2002-0107

13. Marchenko M. PARMONC – A Software Library for Massively Parallel Stochastic Simulation. In: *Parallel Computing Technologies. PaCT 2011. Lecture Notes in Computer Science*. Ed. Malyshkin V.: Springer, Berlin, Heidelberg, 2011, Vol. 6873, pp. 302–316. doi: 10.1007/978-3-642-23178-0_27

14. Михайлов Г.А., Войтишек А.В. Численное статистическое моделирование. Методы Монте-Карло. М.: Академия, 2006. 368 с.

15. Перцев Н.В., Пичугин Б.Ю., Пичугина А.Н. Исследование решений одного семейства математических моделей живых систем // Известия Вузов. Математика. 2017. № 9. С. 54–68.

16. Крамер Г. Математические методы статистики. М.: Мир, 1975. 648 с.

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 // Журнал вычислительной математики и математической физики. 2021. Т. 61. № 8. С. 1245–1268. doi: 10.31857/S0044466921060028

18. Перцев Н.В., Логинов К.К., Лукашев А.Н., Вакуленко Ю.А. Стохастическое моделирование динамики распространения Ковид-19 с учетом неоднородности населения по иммунологическим, клиническим и эпидемиологическим критериям // Математическая биология и биоинформатика. 2022. Т. 17. № 1. С. 43–81. doi: 10.17537/2022.17.43