

УДК 519.6:314.1

МОДЕЛИРОВАНИЕ ЭВОЛЮЦИОННО-ДЕМОГРАФИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ ДЛЯ ЦЕЛЕЙ ГЕОМЕДИЦИНЫ

© 2013 г. А.А. Лушников, А.И. Каган, А.Д. Гвишиани, Ю.С. Любовцева

Геофизический центр РАН, г. Москва, Россия

Излагаются принципы построения эволюционных демографических моделей для целей геомедицинской статистики. Предложено несколько вариантов эволюционных моделей: 1) модель эволюции замкнутой популяции с учетом распределения по возрастам; 2) модель, учитывающая заболеваемость и разницу в смертности для групп больных и здоровых особей; 3) модель, учитывающая распределение по фертильной способности различных возрастных групп; 4) миграционная модель, в которой учитывается обмен населения между несколькими населенными пунктами; 5) модель распространения инфекционных заболеваний. Каждая модель зависит от группы параметров, величины которых определяются по текущему медико-демографическому состоянию популяции. Обсуждается возможное применение предложенных эволюционных моделей в геомедицинской статистике.

Ключевые слова: математическая демография, эволюционные уравнения, демографические показатели, распределение по возрастным группам, инфекционные заболевания.

PACS 89.65.Cd

Введение

В настоящее время демографические и медицинские проблемы все сильнее переплетаются с политическими и экономическими и во многих случаях выходят по актуальности на первое место, что связано с перенаселенностью планеты и недостаточным уровнем здравоохранения во многих странах. В этой связи прогноз медико-демографического состояния общества также становится все более актуальным.

Однако никакой прогноз не отвечает гарантированно на вопрос, какой именно будет численность населения через несколько лет. Бессмысленно также предсказывать среднюю численность популяции. Можно лишь с определенностью сказать, какова вероятность застать заданную численность популяции. Тогда оправдан и прогноз средних значений, к которому надо относиться с осторожностью, если распределение вероятности имеет большую дисперсию.

С этих позиций представляется перспективным использовать эволюционные демографические модели, которые оперируют либо с вероятностями, либо с распределениями популяции по определенным признакам – непрерывным (скажем, по возрастам) или дискретным (например, по типам заболеваний).

Эволюционные демографические модели известны давно, их много и они приспособлены для описания (с разным успехом) довольно разнородных демографических явлений, происходящих как в человеческом обществе, так и в популяциях других существ. Наиболее известные явления – это каннибализм, эволюция двухкомпонентных сообществ, представители которых имеют антагонистические интересы, описание взаимодействия эволюционирующих сообществ и ресурсных факторов (например, ограниченность ресурсов и перенаселенность или извечная борьба «хищник–жертва»), взаимодействие индивидов и сообществ через пищевые цепи и многие другие интересные явления.

Современная геомедицинская статистика [Charlesworth, 1994; Clark, 1976, 2010; Alho, Spencer, 2005; Donald, 2006; Schoen, 2006] оперирует с целым рядом показателей, таких как рождаемость (число родившихся за год на 1000 человек), смертность (число умерших за год на 1000 человек), заболеваемость, скорость выздоровления и др., а также демографическими параметрами: численность населения, средние миграционные потоки. Фиксация этих параметров и их картирование до сих пор являются основной задачей геомедицинской статистики. Эти параметры отражают прошлое и текущее состояние здоровья населения.

Между тем ситуация с такой параметризацией, на наш взгляд, явно не удовлетворительна. Например, рождаемость (отношение полного числа новорожденных к размеру популяции) определенно не является линейной функцией численности популяции. Это означает, что она – неаддитивная функция численности населения и, таким образом, не является универсальной характеристикой, а существующие на ее основе прогностические модели [Bailey, 1975; Webb, 1985; Britton, 1986; Diekmann, Heesterbeek, 2000; Murray, 2002; Alho, Spencer, 2005] имеют весьма шаткий математический базис.

Вышеизложенное подвело нас к необходимости рассмотреть возможность использования эволюционных демографических моделей (ЭДМ), в которых каждый из факторов, влияющих на геомедицинское состояние населения, включается в явном виде и по строго определенным правилам. Таким образом, при параметризации ЭДМ не возникает проблем, связанных с нелинейностью геомедицинских процессов: они влияют на вид соответствующих управляющих уравнений и делают их анализ и решение более сложными.

Ниже представлено описание демографических моделей разного уровня сложности и их применение для анализа медико-демографических ситуаций с разной степенью детализации. На основе этих моделей формулирована синтетическая модель для временного анализа геомедицинской ситуации.

Эволюционные математико-демографические модели

Предполагается, что разрабатываемая эволюционная математико-демографическая модель позволит судить о медико-демографическом состоянии населенного объекта и о связи медико-демографического вектора с внешними условиями. Введем, прежде всего, определение. Назовем вектором медико-демографического состояния набор медико-демографических параметров $N = \{n_1, n_2, \dots, n_k, \dots\}$.

К набору медико-демографических параметров нами отнесены:

- численность населения популяции (в последующем – размер популяции);
- численность мужчин и женщин;
- численность групп заданного интервала возрастов. Величина интервала – 1 год;
- численность больных заболеваниями заданной группы;
- кумулятивная численность населения трудоспособного возраста;
- численность неработающей перспективной группы населения;
- численность инвалидной группы населения (сюда относятся как собственно инвалиды, так и люди старшего возраста, не способные больше работать).

По мере необходимости размерность вектора медико-демографического состояния может быть изменена. Важно отметить, что все используемые для построения модели медико-демографические параметры имеют одну и ту же размерность – число людей с заданным признаком.

Другая группа параметров характеризует скорости медико-демографических процессов. К их числу относятся:

- рождаемость (число родившихся в единицу времени, скажем, за 1 год);
- дифференциальная рождаемость (число родившихся в единицу времени и имеющих заданный признак. Например, число родившихся девочек и мальчиков, или число родившихся больных детей);
- смертность (число умерших за 1 год);
- дифференциальная смертность (прежде всего, смертность в данной возрастной группе или смертность от заданных заболеваний);
- заболеваемость (число заболевших заданным заболеванием в единицу времени);
- миграция (скорость прибавления или убывания населения за счет переселения в другие населенные пункты).

Как и в первой группе параметров, все вышеперечисленные единицы имеют одинаковую размерность – число особей, отнесенное ко времени.

Внешние условия никогда не входят в явном виде в эволюционные уравнения, а влияют на величину скоростных параметров. Например, ухудшение экологической обстановки может привести к увеличению смертности. В районах, где имеют место вредные атмосферные выбросы, их концентрация влияет на скорость отравления организма. Если эта скорость превышает скорость выведения или скорость распада вредоносного реагента, то он накапливается и убивает организм. Величина кумулятивной дозы, накопленной к заданному моменту времени, смещает показатель смертности влево вдоль оси возраста.

Общепринятые методы медико-демографического анализа [*Cohenand, Murray, 1981; Murray, 2002; Alho, Spencer, 2005; Schoen, 2006*] стремятся определить вектор медико-демографического состояния как можно большим числом значимых признаков. Таким образом, сам вектор содержит разноразмерные компоненты, что абсолютно неприемлемо с позиций современной математики и теоретической физики (методы последней положены в основу предлагаемой математической эволюционной модели [*Fowler, 1997; Hinde, 1998; Neutel et al., 2002*]).

Основные уравнения

Эволюционная статистика оперирует с временными рядами данных – упорядоченными (по времени) числами, каждое из которых характеризует некоторый признак: это может быть численность популяции, температура окружающей среды, уровень загрязнений и т.д. Эти величины измеряются в дискретные моменты и затем могут быть проанализированы тем или иным способом. Один из таких способов – эволюционные статистические модели.

Рассмотрим демографический вектор N . Его изменение во времени подчиняется некоторой закономерности, описываемой эволюционным уравнением вида

$$\frac{dN}{dt} = F(N, \kappa, \Omega), \quad (1)$$

где F – некоторая функция текущего значения численности; κ – множество параметров, характеризующих скорость переходов между состояниями с различными N ; Ω – множество параметров, характеризующих внешние факторы, зависящие от времени. Совершенно обоснованно можно предполагать, что скорость изменения численности зависит не только от текущего состояния, но и от того, что было в прошлом. Тогда правая часть становится функционалом (например, вместо $N(t)$ войдет интеграл вида $\int_{-\infty}^t K(t-t')N(t')dt'$). Функция памяти $K(t)$ считается известной.

Другой подход оперирует с вероятностью застать в системе заданный вектор N в заданный момент времени t . В этом случае должна быть записана система линейных уравнений для этой вероятности $W(N, t)$:

$$\frac{dW(N, t)}{dt} = \hat{L}W. \quad (2)$$

Здесь оператор L также зависит от N , κ и Ω .

Как первый, так и второй подход пригодны для статистического анализа временных рядов данных.

Модель, описываемая уравнением (1), усовершенствована нами для описания эволюции популяций (геодемографические модели). Она позволяет представить медико-демографические данные в виде карт констант, входящих в определение модели (рождаемость, смертность и т.д.). Такой подход позволяет не только анализировать временные ряды, но и прогнозировать развитие демографических ситуаций в выбранных регионах.

Вторая модель (уравнение (2)) в пределе больших значений заселенности популяций ($N \gg 1$) переходит в первую (уравнение (1)).

Математическая формулировка основных принципов моделирования медико-демографических ситуаций

На простом примере «рождение–жизнь–смерть» демонстрируется принцип математического моделирования медико-демографических ситуаций. Демографический вектор тогда содержит только одну компоненту – размер популяции n .

Пусть $\kappa f(n)$ – прирост размера популяции за единицу времени, а $\lambda g(n)$ – число особей? выбывших из популяции и не дающих вклада в ее размер. Функции $f(n)$ и $g(n)$ пока еще не определены. Тогда общий баланс населения запишется следующим образом:

$$\frac{dn}{dt} = \kappa f(n) - \lambda g(n) + I_+ - I_- \quad (3)$$

Здесь сформулировано очень простое утверждение: изменение размера популяции равно числу родившихся особей (первое слагаемое) за вычетом числа умерших (второе слагаемое). Два последних слагаемых в уравнении (3) описывают вклад в изменение размера популяции за счет миграционных потоков: I_+ – рост популяции за счет приезжих; I_- – убыль популяции за счет миграции населения в другие места.

Несмотря на кажущуюся простоту уравнения (3), его решение и анализ могут оказаться чрезвычайно сложными. Дело в том, что функции $f(n)$ и $g(n)$ – нелинейные. Существуют соображения, позволяющие построить эти функции. Во-первых, любая функция не может зависеть от размерного аргумента, поэтому под знак функции необходимо включить некий размерный фактор, обезразмеривающий аргумент. Пусть этот параметр будет n_0 . Тогда $f(n)$ заменяется на $f(n/n_0)$. Разложим эту функцию в ряд Тэйлора

$$f(x) = \sum_s \kappa_s x^s \quad (4)$$

и удержим только первые два члена. Вклад старших членов мал, так как величина n_0 обычно велика по сравнению с характерными значениями текущих размеров популяций. Физический смысл n_0 будет обсужден ниже.

Итак,

$$\kappa f(n) = \kappa n - \eta n^2 \quad (5)$$

Знак «–» в правой части уравнения имеет очевидное происхождение: рождаемость должна уменьшаться при увеличении размера популяции. Тогда ясен смысл n_0 – это предельно возможная заселенность заданной территории. Обычно (но не всегда) n_0 заметно превышает текущее значение размера популяции, что позволяет ограничиться первыми двумя членами разложения в уравнении (4). Сходные аргументы позволяют записать

$$\lambda g(n) = \lambda n + \iota n^2 \quad (6)$$

В данном случае квадратичный член входит с положительным знаком, что соответствует тому, что в перенаселенных сообществах смертность растет. Полностью эта упрощенная модель формулируется следующим образом:

$$\frac{dn}{dt} = \mu n - \sigma n^2 \quad (7)$$

Здесь $\mu = \kappa - \lambda$ может быть любого знака, тогда как квадратичный член всегда имеет отрицательный знак. Коэффициенты μ и ι зависят от времени. Нам удалось найти решение уравнения (7) в самом общем случае.

На рис. 1 показана эволюция популяции, описываемая уравнением (7) (так называемая логистическая модель). Результаты представлены в безразмерной форме, не зависящей от выбора системы измерения. Численность населения растет и достигает максимального значения. Это очень важная черта логистической модели, так как стационарное значение устойчиво и оно достигается в любом случае, если население растет или его численность падает достаточно медленно (рис. 2).

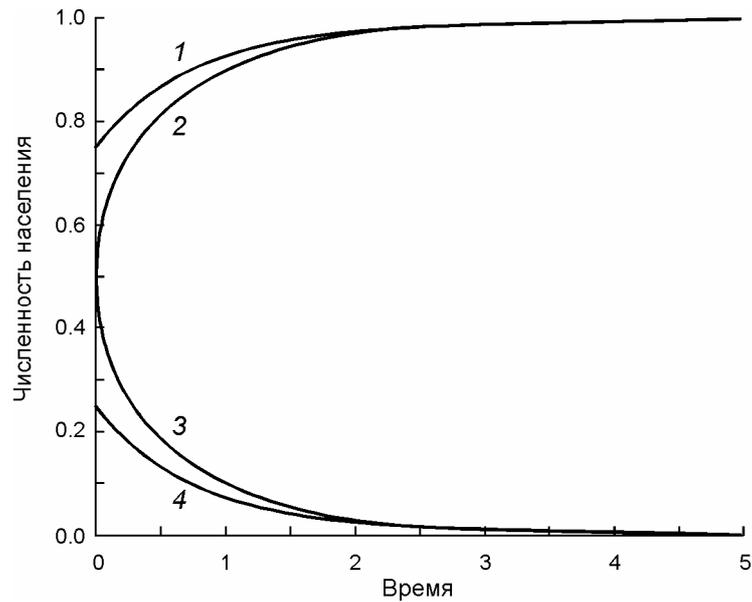


Рис. 1. Зависимость числа особей в популяции от времени для $f(n) = n$ и $g(n) = 1 + \alpha n$ для $\mu > 0$ (кривые 1, 2) и $\mu < 0$ (кривые 3, 4)

Время $\tau = \lambda t$ и число особей $v(\tau) = kn/\lambda$ – величины безразмерные. Расчет произведен для случая, когда начальное значение популяционного числа не превосходит своего стационарного предела $v = 1$

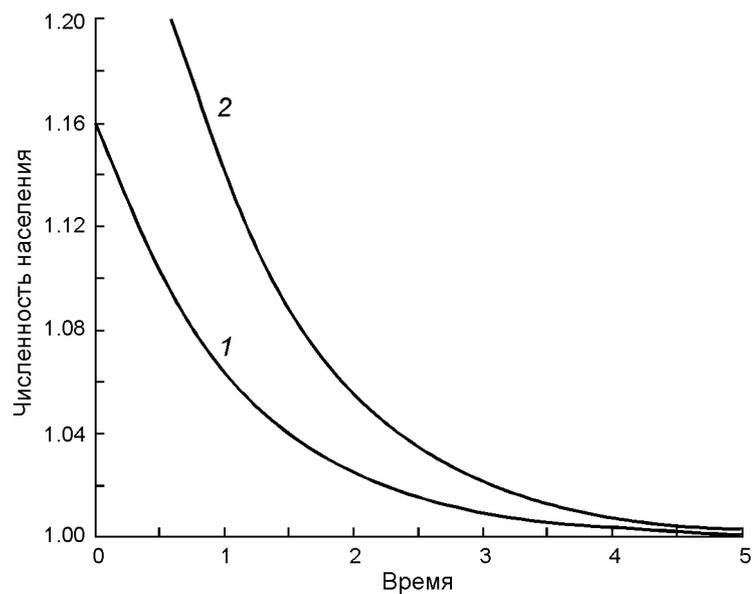


Рис. 2. Зависимость числа особей в популяции от времени для $f(n) = n$ (1) и $g(n) = 1 + \alpha n$ (2)

Расчет произведен для случая, когда начальные значения безразмерного популяционного числа превосходят 1. Численность населения падает, пока не достигнет стационарного предела

Линейная модель (модель Мальтуса)

Простейший случай эволюционной модели – модель Мальтуса, когда обе функции – $f(n)$ и $g(n)$ – линейны по n . Тогда

$$\frac{dn}{dt} = \kappa n - \lambda n. \quad (8)$$

Решение этого уравнения дается экспоненциальной функцией

$$n(t) = e^{-\gamma t}, \quad (9)$$

где $\gamma = \kappa - \lambda$ может быть как положительным, так и отрицательным. Если рождаемость κ превышает смертность λ , то популяция экспоненциально растет, в противном случае она экспоненциально падает. Случай равновесия (когда рождаемость равна смертности) является неустойчивым (т.е. любое отклонение в ту или другую сторону ведет либо к неограниченному росту населения, либо к его вымиранию).

На этом же примере поясним, как работает статистическая модель. Вместо n введем $W(n, t)$ – вероятность застать в популяции ровно n особей в момент времени t . Тогда уравнение для $W(n, t)$ выглядит следующим образом:

$$\frac{dW(n, t)}{dt} = \kappa[(n-1)W(n-1, t) - nW(n, t) - \lambda[(n+1)W(n+1, t) - nW(n, t)]]. \quad (10)$$

Это уравнение описывает скачки из состояния популяции с $(n-1)$ особями за счет рождения одной особи со скоростью κ и скачками из состояния с n особями за счет их гибели со скоростью λ . Решение такого уравнения дается распределением Пуассона

$$W(n, t) = \frac{\bar{n}^n}{n!} e^{-\bar{n}}, \quad (11)$$

где средняя численность популяции $\bar{n}(t)$ подчиняется уравнению (8).

Интересно также на этом примере рассмотреть влияние запаздывания. В этом случае уравнение рождения–гибели запишется в виде

$$\frac{dn}{dt} = \kappa \int_0^t K(t-t') n(t') dt' - \lambda n. \quad (12)$$

Предположим, что функция памяти имеет экспоненциальную форму

$$K(t) = e^{-t}. \quad (13)$$

Решение уравнения (4) ищется в виде суммы двух экспонент:

$$n(t) = a_1 e^{-\alpha_1 t} + a_2 e^{-\alpha_2 t}. \quad (14)$$

Подстановка этого выражения в уравнение (12) дает

$$\alpha_{1,2} = \frac{\lambda + 1}{2} \pm \sqrt{\frac{(\lambda + 1)^2}{4} - \gamma}, \quad (15)$$

где $\gamma = \kappa - \lambda$.

Для коэффициентов a и b находим:

$$a_1 = \frac{1 + \alpha}{\alpha - \beta}; \quad a_2 = \frac{1 + \beta}{\beta - \alpha}. \quad (16)$$

Таким образом, так же как и в модели Мальтуса, популяция либо растет (при $\gamma = \kappa - \lambda > 0$), либо убывает, но по более сложному закону (в данном случае – это сумма двух экспонент).

Логистическое распределение

Теперь рассмотрим случай, когда κ и λ являются произвольными функциями времени. Уравнение рождения–гибели тогда приобретает вид:

$$\frac{dn}{dt} = \mu(t)n - \nu(t)n^2. \quad (17)$$

Введем

$$M(t) = \int_0^t \mu(s) ds,$$

неизвестную функцию $b(t)$

$$n(t) = b(t)e^{M(t)}$$

и независимую переменную

$$\tau = \int_0^t \nu(s)e^{M(s)} ds.$$

Тогда для $b(t)$ получим уравнение

$$\frac{db}{d\tau} = -b^2.$$

Его решение имеет вид:

$$b(\tau) = \frac{n_0}{1 + n_0\tau}.$$

Для случая постоянных κ и λ найдем

$$n(t) = e^{\mu t} \left[1 + \frac{\nu n_0}{\mu} (e^{\mu t} - 1) \right]^{-1}. \quad (18)$$

При $\mu > 0$ численность популяции достигает насыщения $n(\infty) = \mu / \nu n_0$ (см. рис. 1).

Распределение по возрастам

Сформулируем ряд обобщений простейшей демографической модели (см. уравнение (1)). Это, прежде всего, введение показателя возраста a . В этом случае необходимо ввести распределение по возрастам $n(a, t)$. Эволюционное уравнение принимает вид:

$$\frac{\partial n}{\partial t} + \frac{\partial n}{\partial a} = \kappa N(t)\delta(a) - \lambda(a)n, \quad (19)$$

где κ – коэффициент рождаемости; $N(t)$ – число пар, способных дать потомство; дельта-функция соответствует тому, что возраст родившихся равен нулю. Предположим, что

$$N(t) = \left[\int_0^\infty S(a)n(a, t) da \right]^\sigma. \quad (20)$$

Здесь формфактор $S(a)$ отвечает за вклад возрастной группы a в скорость воспроизводства популяции. В дальнейшем для простоты будем использовать прямоугольный формфактор $S(a) = 1/(a_2 - a_1)$ при $a_1 < a < a_2$ и $S(a) = 0$ при a , лежащих вне интервала $[a_1, a_2]$, или гамма-распределение:

$$S(a) = \frac{1}{\gamma^{n+1}\Gamma(n)} a^n e^{-ra}. \quad (21)$$

Фактор $S(a)$ нормирован на 1, т.е. $\int_0^{\infty} S(a) da = 1$.

Смысл этого определения прозрачен: особи могут рожать, если они по возрасту старше a_1 , но младше a_2 . Величина параметра σ зависит от механизма зарождения новой особи. В дальнейшем рассматриваются $\sigma = 1$ или $\sigma = 2$. Вообще говоря, зависимость $N(t)$ дается гораздо более сложным функционалом от функции распределения по возрастам. Так, число родившихся детей зависит от числа пар, состоящих в браке.

Стационарное распределение по возрастам удовлетворяет уравнению

$$\frac{dn_s}{da} = \kappa N_s \delta(a) - \lambda(a)n_s. \quad (22)$$

Здесь индекс s соответствует стационарному пределу.

Решим уравнение (22):

$$n_s = \kappa N_s \exp[-\Lambda(a)]\vartheta(a), \quad (23)$$

где $\Lambda(a) = \int_0^a \lambda(a^*) da^*$ и $\vartheta(a)$ – единичная функция Хевисайда ($\vartheta(a) = 1$ при $a > 0$ и $\vartheta(a) = 0$ при $a \leq 0$). Эта функция ответственна за появление $\delta(a)$ в правой части уравнения (22). Теперь остается найти N_s . Воспользовавшись определением (5), найдем

$$N_s = \left[\kappa \int_0^{\infty} S(a^*) \exp[-\Lambda(a^*)] da^* \right]^{\frac{1}{\sigma-1}}. \quad (24)$$

Полное число особей в популяции:

$$N = \kappa N_s \int_0^{\infty} \exp[-\Lambda(a^*)] da^*. \quad (25)$$

Теперь рассмотрим случай, когда женская популяция лимитирует рождаемость. Такая ситуация особенно типична для курятника, где один петух способен обеспечить потомством всех кур. На самом деле и в человеческом сообществе рождаемость лимитируется возможностями женского организма, а не популяцией мужчин. Действительно, если мужчин очень много, а женщина всего одна, то число детей, которых она может родить, абсолютно не зависит от численности мужского населения.

Итак, если рождаемость лимитируется популяцией женщин, то мы можем записать уравнения рождения–гибели женщин в виде

$$\frac{\partial f}{\partial t} + \frac{\partial f}{\partial a} = \kappa_f I_f \delta(a) - \lambda_f(a) f, \quad (26)$$

В уравнение (26) введены специальные обозначения для функций распределения мужчин и женщин по возрастам – $m(a, t)$ и $f(a, t)$ для мужчин и женщин соответственно.

Рождение–гибель мужчин также лимитируется числом женщин.

$$\frac{\partial m}{\partial t} + \frac{\partial m}{\partial a} = \kappa_m I_f \delta(a) - \lambda_m(a) m. \quad (27)$$

Для $I_f(t)$ из уравнения (26) имеем:

$$I_f(t) = \int_0^{\infty} S_f(a) f(a, t - t_0) da, \quad (28)$$

где $S_f(t)$ – фактор репродуктивности. Величина $I_f(t)$ удовлетворяет интегральному уравнению:

$$I_f(t) = \kappa_f \int_0^t I_f(t-a) S_f(a) e^{-\Lambda_f(a)} da + \int_t^\infty n_{0f}(a-t) S_f(a) e^{-\Lambda_f(a)} da. \quad (29)$$

Последнее слагаемое в правой части уравнения (29) – известная функция времени. Уравнение (29) может быть решено с помощью преобразования Лапласа. Введем

$$I_f(p) = \int_0^\infty I_f(t) e^{-pt} dt, \quad S_f(p) = \int_0^\infty S_f(t) e^{-\Lambda_f(t)} e^{-pt} dt \quad (30)$$

и

$$Q_f(p) = \int_0^\infty e^{-pt} \int_t^\infty n_{0f}(a-t) S_f(a) e^{-\Lambda_f(a)} da dt. \quad (31)$$

Из уравнения (29) получим

$$I_f(p) = \frac{Q_f(p)}{1 - \kappa_f S_f(p)}. \quad (32)$$

Заболевания и эпидемии

Сформулируем теперь простейшую модель, позволяющую включить в рассмотрение заболевания. Пусть x – число здоровых особей, y – число больных особей. Больные заражают здоровых со скоростью βxy . Величина $\beta = \beta(Z)$, где Z – численность популяции микробов. Напишем эволюционное уравнение:

$$\frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy + \gamma y - \lambda x. \quad (33)$$

Это уравнение гласит, что люди рождаются (первое слагаемое в правой части), заболевают (второе слагаемое), выздоравливают (третье слагаемое) и умирают (последнее слагаемое). Динамика заболевших выглядит следующим образом:

$$\frac{dy}{dt} = \beta xy - \gamma y - \mu y. \quad (34)$$

Число заболевших растет за счет того, что здоровые заражаются от больных (первое слагаемое), часть больных выздоравливают (второе слагаемое), а часть умирают (последнее слагаемое).

Наконец, популяция микробов растет пропорционально полному числу особей и наличию микробов в текущий момент времени

$$\frac{dZ}{dt} = V(x+y)Z - \Lambda Z. \quad (35)$$

Отметим, что в уравнении (35) нет стационарного режима; инфекция либо затухает, либо нарастает.

Исследование системы (33)–(35) представляет собой исключительно сложную задачу. Если эпидемия имеет малую продолжительность, то можно пренебречь смертностью здоровых людей и выздоравливаемостью больных. Рождаемостью мы тоже пренебрежем, считая этот процесс очень медленным по сравнению с характерным временем эпидемии.

Тогда оставшаяся система уравнений сильно упростится:

$$\frac{dx}{dt} = -\beta(Z)xy, \quad \frac{dy}{dt} = \beta(Z)xy - \mu y, \quad \frac{dZ}{dt} = B(x+y)Z - \Lambda Z.$$

Легко найти стационарный режим, соответствующий смерти всех заболевших ($y = 0$). Тогда число выживших

$$x = \frac{\Lambda}{B},$$

а число микробов остается неопределенным. Существует также режим, в котором все умерли $x = y = Z = 0$. Какой из этих финальных режимов реализуется, зависит от начальных условий.

Демографические показатели

Полное число мужчин и женщин в данной социальной группе есть

$$N_m(t) = \int_0^{\infty} n_m(a, t) da, \quad N_f(t) = \int_0^{\infty} n_f(a, t) da. \quad (36)$$

Полная численность популяции – сумма двух этих величин:

$$N(t) = N_m(t) + N_f(t). \quad (37)$$

Рождаемость (число новорожденных в единицу времени):

$$F(t) = \kappa I_m(t) I_f(t). \quad (38)$$

Число новорожденных за период времени T (скажем, за 1 год)

$$F_T = \kappa \int_0^T I_m(t) I_f(t) dt. \quad (39)$$

Скорость вымирания

$$D_s(t) = \int_0^{\infty} \lambda_s(a) n_s(a, t) da, \quad (40)$$

где $s = f, m$.

Смертность (число умерших за период времени (T)):

$$D_{sT} = \int_0^T dt \int_0^{\infty} \lambda_s(a) n_s(a, t) da. \quad (41)$$

Синтез. Эволюционная геомедицинская модель Геофизического центра РАН

Объединение изложенных выше принципов позволяет сформулировать первый вариант эволюционной геомедицинской модели. Во-первых, мы рассматриваем отдельно женскую и мужскую части населения. Далее вводятся три возрастные группы. В первую входят все, кто по возрастным причинам не создает валовой продукт. Это мальчики и девочки, юноши и девушки в возрастном интервале 0–20 лет. Существенно, что эта возрастная группа является источником более взрослой популяции. Именно в этой группе появляется население за счет рождения новых особей. Тут важно подчеркнуть, что специально не учитывается детская смертность. Для демографических моделей важно число выживших. Именно они дают вклад в размер следующей возрастной группы.

Следующая возрастная группа – это люди, активно участвующие в экономической жизни (20–60 лет). Последняя возрастная группа – это население в возрасте старше 60 лет. Для каждой группы населения вводятся скоростные характеристики, которые определяются из имеющихся статистических данных о рождаемости, заболеваемости различными группами болезней и смертности. Тогда демографический вектор расщепляется на несколько компонент, для каждой из которых составляется свое уравнение.

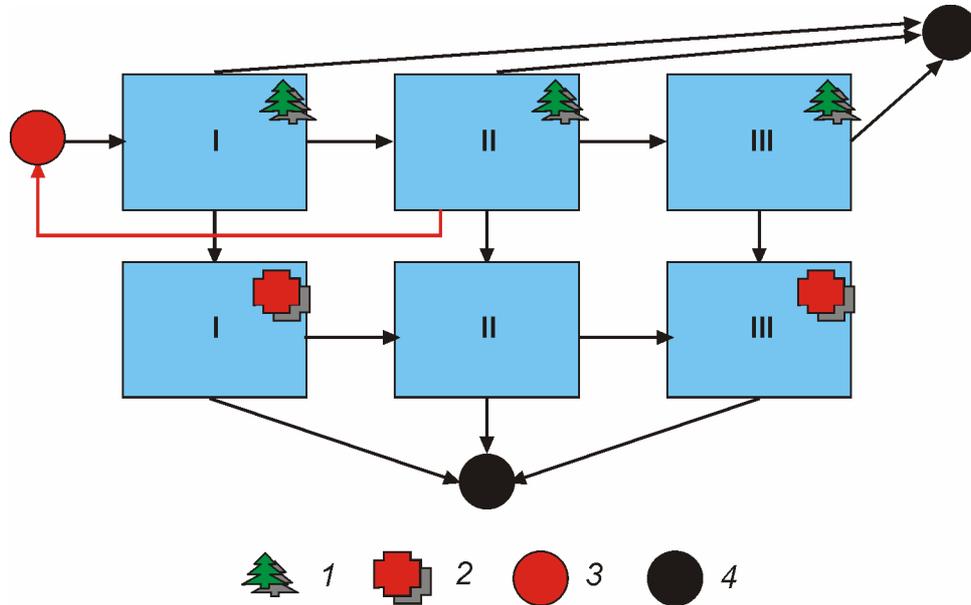


Рис. 3. Блок-схема модели Геофизического центра РАН

1 – здоровое население; 2 – больное население; 3 – рождение; 4 – смерть. I–III – возрастные группы. Остальные пояснения см. в тексте

На рис. 3 изображена упрощенная блок-схема эволюционной геомедицинской модели Геофизического центра РАН. Население разбито на три возрастные группы, внутри которых выделены здоровые и больные особи. Круг слева означает увеличение популяции здоровой группы (0–20 лет). Вертикальные стрелки означают временную эволюцию, т.е. переход особей из одной возрастной группы в другую за счет взросления без изменения состояния (здоровые остаются здоровыми, больные – больными). Переход из группы здоровых в группу больных лиц, так же как и смерть могут случиться на каждом этапе, в любой возрастной группе. Стрелка от второй возрастной группы к блоку рождения соответствует тому факту, что рождаемость обеспечивается индивидами второй группы. Рассмотренная схема предполагает решение шести уравнений: трех – для первой группы и трех – для второй. Понятно также, какие и сколько скоростных констант нужно вводить: константа рождаемости – 1; константа заболеваемости – 3; константа смертности – 6. Итого – 10 констант.

Выводы

Итак, в настоящей статье сформулирован набор демографических моделей, которые выражаются через константы рождения и смертности при помощи эволюционных уравнений. В свою очередь, константы имеют значение, близкое к стандартным медико-демографическим показателям, но физический смысл этих констант гораздо более прозрачен и в отличие от стандартных показателей они являются универсальными.

Благодарности

Работа выполнена при финансовой поддержке ГК № 14.515.11.0012 Министерства образования и науки Российской Федерации.

Литература

- Alho J.M., Spencer B.D.* Statistical demography and forecasting. N.Y.: Springer, 2005. 410 p.
- Bailey N.T.J.* The mathematical theory of infectious diseases. 2nd ed. London: Griffin, 1975. 413 p.
- Britton N.F.* Reaction-diffusion equations and their application to biology. N.Y.: Acad. Press, 1986. 277 p.
- Charlesworth B.* Evolution in age structured population. 2nd ed. Cambridge: Cambridge Univ. Press, 1994. 324 p.
- Clark C.W.* Mathematical bioeconomics, the optimal control of renewable resources. N.Y.: John Wiley, 1976. 352 p.
- Clark C.W.* Mathematical bioeconomics: The mathematics of conservation. 3rd. ed. N.Y.: John Wiley, 2010. 368 p.
- Cohen D.S., Murray J.D.* A generalized diffusion model for growth and dispersal in a population // J. Math. Biol. 1981. V. 12. P. 239–249.
- Diekmann O., Heesterbeek J.A.P.* Mathematical epidemiology of infectious disease: Model building, analysis and interpretation. N.Y.: John Wiley & Sons, 2000. 303 p.
- Donald T.R.* Demographic methods and concepts. Oxford: Oxford Univ. Press, 2006. 523 p.
- Fowler A.C.* Mathematical models in the applied sciences. Cambridge: Cambridge Univ. Press, 1997. 402 p.
- Hinde A.* Demographic methods. N.Y.: Arnold, 1998. 305 p.
- Murray J.D.* Mathematical biology. I. An introduction. N.Y.: Springer, 2002. 551 p.
- Neutel A.M., Heesterbeek J.A.P., de Ruiter P. C.* Stability in real food webs: weak links in long loops // Science. 2002. V. 296. P. 1120–1123.
- Schoen R.* Dynamic population models. N.Y.: Springer, 2006. 251 p.
- Webb G.F.* Theory of nonlinear age-dependent population dynamics. N.Y.: Marcel Dekker, 1985. 294 p.

Сведения об авторах

ЛУШНИКОВ Алексей Алексеевич – доктор физико-математических наук, профессор, главный научный сотрудник, Геофизический центр РАН. 119296, г. Москва, ул. Молодежная, д. 3. Тел.: +7 (495) 930-05-46. E-mail: alex.lushnikov@mail.ru

КАГАН Александр Иосифович – научный сотрудник, Геофизический центр РАН. 119296, г. Москва, ул. Молодежная, д. 3. Тел.: +7 (495) 930-51-39. E-mail: aleck.kagan@gmail.com

ГВИШИАНИ Алексей Джерменович – доктор физико-математических наук, профессор, директор, Геофизический центр РАН. 119296, г. Москва, ул. Молодежная, д. 3. Тел.: +7 (495) 930-05-46. E-mail: a.gvishiani@gcras.ru

ЛЮБОВЦЕВА Юлия Сергеевна – кандидат физико-математических наук, старший научный сотрудник, Геофизический центр РАН. 119296, г. Москва, ул. Молодежная, д. 3. Тел.: +7 (495) 930-05-46. E-mail: u.lyubovtseva@gcras.ru

MODELING OF THE EVOLUTIONARY DEMOGRAPHIC PROCESSES FOR GEOMEDICINE

A.A. Lushnikov, A.I. Kagan, A.D. Gvishiani, Yu.S. Lyubovtseva

Geophysical Center, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

Abstract. This paper suggests principles of evolutionary demographic models for geomedical statistics. Some variants of evolutionary models offered: 1) the model of the evolution of a closed population with the age distribution; 2) the model taking into account the difference in the fertility and mortality rates for groups of patients and healthy individuals; 3) the model takes into account the distribution of the fertile ability of different age groups; 4) the model of migration, which takes into account the exchange of population between several localities; 5) the model of infectious diseases diffusion. Above models depend on the group of parameters whose values are determined by the medico-demographic state of the population. We discuss the possible applications of evolutionary models for geomedical statistics. The main results of this paper may be summarized as follows: we have formulated the principles of construction and parametrization of the evolution demographic models; on the basis of these principles we considered known models and formulated a number of new ones; we have shown how the parameters of the evolution models are linked with the standard medico-demographic indicators; our basic idea is to replace the medico-demographic set of characteristics by the set of constants entering the birth-death equation of the evolution models; we have demonstrated that the set of the models considered above is enough for modeling any medico-demographic situation.

Keywords: mathematical demography, evolutionary equation, demographic indicators, age distribution, infectious diseases.