

МОДЕЛИРОВАНИЕ СТОХАСТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ В ВИРТУАЛЬНЫХ МОДЕЛЯХ МИКРОБНО-РАСТИТЕЛЬНЫХ СИСТЕМ

Н. И. Воробьев^{*}, В. Н. Пищик^{**}, Н. А. Проворов^{*}, О. В. Свиридова^{*}

^{*}ГНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии

^{**}Агрофизический НИИ Россельхозакадемии

Современный вычислительный инструментарий и компьютерная техника значительно повысили быстродействие и увеличили объемы оперативной и постоянной памяти, что послужило стимулом для появления нового поколения виртуальных моделей микробно-растительных систем (ВММРС), характеризующихся высоким уровнем сложности и меньшими отличиями от реальных биосистем. Для «оживления» ВММРС появилась возможность использовать практически весь арсенал таких вычислительных процедур, как решение систем интегро-дифференциальных уравнений, матричная алгебра, поиск экстремумов функции многих переменных и многомерная статистика. Стала доступной также имитация методом Монте-Карло стохастических процессов в ВММРС, что позволяет исследовать тонкую структуру вероятностных распределений характеристик биосистем и изучать на данной основе закономерности стохастических процессов и дискретность биометрического пространства биосистем (Воробьев, 2013).

Для адекватного представления стохастических связей в ВММРС необходимо знание корреляционной матрицы динамических характеристик реальных биосистем. При моделировании сложных стохастических процессов с большим числом стохастических переменных целесообразно выделить в корреляционных матрицах коэффициенты, относящиеся только к непосредственным стохастическим связям (K1-группа), а остальные коэффициенты (K2-группа), соответствующие опосредованным стохастическим связям, в моделях не использовать. Такое сокращение моделируемых стохастических связей оказалось возможным из-за зависимости коэффициентов K2-группы от коэффициентов K1-группы. Кроме этого, число коэффициентов в K1-группе на единицу меньше числа измеряемых характеристик биосистем, то есть меньше или равно числу коэффициентов K2-группы. Поэтому учет только коэффициентов K1-группы существенно сокращает программный код ВММРС.

Цель настоящей работы заключается в разработке методики построения графа непосредственных стохастических связей по корреляционной матрице микробно-растительной системы и алгоритма программирования стохастических взаимодействий в виртуальной модели микробно-растительной системы на основе графа непосредственных стохастических связей.

Для имитации стохастических переменных в ВММРС используются *Gauss*-массивы, заполненные по специальному алгоритму псевдослучайными числами и распределенные по Гауссову нормальному вероятностному закону. Для формирования и заполнения *Gauss*-массивов авторами использовался объектно-ориентированный язык *Visual Basic for Applications* в Excel-среде (Уокенбах, 2012). Алгоритм заполнения *Gauss*-массивов включает в себя по-

следовательное обращение к $Rnd()$ -функции (стандартному генератору псевдослучайных чисел) и преобразованию Бокса-Мюллера (Box, Muller, 1958):

$$\begin{cases} \varepsilon_{1k} = \text{Cos}(2 \cdot \pi \cdot \eta_{1k}) \cdot \sqrt{-2 \cdot \ln(\eta_{2k})} \\ \varepsilon_{2k} = \text{Sin}(2 \cdot \pi \cdot \eta_{1k}) \cdot \sqrt{-2 \cdot \ln(\eta_{2k})} \end{cases},$$

где $\pi = 3,141593$; η_{1k}, η_{2k} – псевдослучайные числа, находящиеся в k -х ячейках массивов, заполненных Rnd -функцией; $\varepsilon_{1k}, \varepsilon_{2k}$ – псевдослучайные числа, находящиеся в k -х ячейках $Gauss$ -массивов. Нулевые значения Rnd -функции отклоняются в данном преобразовании, так как аргумент логарифмической функции при равенстве нулю прерывает выполнение преобразований из-за программной ошибки. После выполнения преобразования $Gauss$ -массивы оказываются заполненными псевдослучайными числами из промежутка $(-\infty \dots +\infty)$ с нормальным Гауссовым законом распределения вероятности и единичной дисперсией.

При моделировании связи трех стохастических переменных три $Gauss$ -массива формируются и заполняются псевдослучайными числами по следующему алгоритму:

$$\begin{cases} \xi_{1k} = a_{11} \cdot \varepsilon_{1k} \\ \xi_{2k} = [\text{Sign}(r_{12}) \cdot \xi_{1k} + a_{12} \cdot \varepsilon_{2k}] / \sqrt{1 + a_{12}^2} \\ \xi_{3k} = [\text{Sign}(r_{23}) \cdot \xi_{2k} + a_{23} \cdot \varepsilon_{3k}] / \sqrt{1 + a_{23}^2} \end{cases},$$

где $\xi_{1k}, \xi_{2k}, \xi_{3k}, \varepsilon_{1k}, \varepsilon_{2k}, \varepsilon_{3k}$ – значения стохастических переменных, расположенных в k -тых ячейках соответствующих $Gauss$ -массивов; $\varepsilon_1, \varepsilon_2, \varepsilon_3$ – независимые ортогональные стохастические переменные и соответствующие им $Gauss$ -массивы; $a_{11} = 1, a_{12} = \sqrt{1/r_{12}^2 - 1}, a_{23} = \sqrt{1/r_{23}^2 - 1}$ – постоянные коэффициенты; $\text{Sign}(r_{...})$ – функция, возвращающая -1 при отрицательных значениях $r_{...}$ и $+1$ при положительных значениях $r_{...}$; r_{12}, r_{23} – коэффициенты корреляции между зависимыми стохастическими переменными ξ_1, ξ_2, ξ_3 .

С учетом ортогональности стохастических переменных $\varepsilon_1, \varepsilon_2, \varepsilon_3$ и алгоритмов заполнения $Gauss$ -массивов $\xi_{1k}, \xi_{2k}, \xi_{3k}, \varepsilon_{1k}, \varepsilon_{2k}, \varepsilon_{3k}$ удается вывести мультипликативную формулу зависимости коэффициента корреляции опосредованной стохастической связи (r_{13}) от произведения коэффициентов корреляции непосредственных стохастических связей (r_{12}, r_{23}):

$$\begin{aligned} r_{13} &= \frac{1}{\sqrt{1 + a_{23}^2}} \lim_{N \rightarrow \infty} \left\{ \sum_{k=1}^N \xi_{1k} \cdot [\text{Sign}(r_{23}) \cdot \xi_{2k} + a_{23} \cdot \varepsilon_{3k}] \right\} = \\ &= \frac{\text{Sign}(r_{23})}{\sqrt{1 + a_{23}^2}} \lim_{N \rightarrow \infty} \left(\sum_{k=1}^N \xi_{1k} \cdot \xi_{2k} \right) = r_{23} \cdot r_{12}, \end{aligned}$$

где N – количество ячеек в $Gauss$ -массивах.

Полученное мультипликативное соотношение устанавливает зависимость коэффициентов корреляции опосредованных стохастических связей от произ-

ведения коэффициентов корреляции непосредственных стохастических связей в биосистемах. Данное соотношение может использоваться для выделения коэффициентов K1-группы в корреляционных матрицах биосистем и построения графа непосредственных стохастических связей. В свою очередь структура графа определяет формулы и алгоритм формирования и заполнения *Gauss*-массивов, которые необходимы для имитации стохастических переменных в виртуальных биосистемах.

Получаемые по разработанному алгоритму графы являются ненаправленными. Для превращения их в направленные графы необходимо дополнительно проанализировать корреляционные матрицы методом главных компонент (Jolliffe, 2002).

Исследования поддержаны грантом РФФИ 12-04-00409-а.

Литература

Воробьев Н. И., Проворов Н. А., Свиридова О. В., Пищик В. Н., Патыка Н. В., Думова В. А., Круглов Ю. В. Ранг генетического дизайна и адаптационный потенциал растительно-микробных систем // Труды по ботанике, генетике и селекции. СПб.: ВИР, 174, 2013. С. 61–67. ISSN 0202-3628.

Уокенбах Д. Excel 2010: профессиональное программирование на VBA. Изд. Вильямс, 2012. 944 с.

Vox G.E.P., Muller M.E. A Note on the Generation of Random Normal Deviates. The Annals of Mathematical Statistics. 1958. 2(29): 610–611.

Jolliffe I.T. Principal Component Analysis. Springer. 2002. 489 p.

СМЕНА ДИНАМИЧЕСКИХ РЕЖИМОВ В ПОПУЛЯЦИЯХ С КОРОТКИМ ЖИЗНЕННЫМ ЦИКЛОМ: МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ И ЧИСЛЕННЫЕ ЭКСПЕРИМЕНТЫ

Е. Я. Фрисман, Г. П. Неверова

Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН

В данной работе предлагается математическая дискретная во времени структурированная модель динамики численности популяций. Модель построена на основе особенностей жизненного цикла биологических видов с коротким жизненным циклом (например, лемминги, полевки и др.). Также в модели учитываются наблюдаемые в природе нелинейные взаимовлияния различных возрастных групп на рождаемость особей. Уравнения динамики имеют вид:

$$\begin{cases} x_{n+1} = e^{-\beta_1 \cdot x - \beta_2 \cdot y} \cdot (b_1 \cdot x_n + b_2 \cdot y_n) \\ y_{n+1} = s \cdot x_n + v \cdot y_n \end{cases},$$

где x – численность особей, только достигших половой зрелости (в частности сюда водят особи, рожденные под снегом); y – «взрослые» перезимовавшие особи, участвовавшие в размножении в прошлом году; n – номер сезона раз-