

BIRTH - DEATH PROCESSES: FUNDAMENTAL PROPERTIES AND THEIR APPLICATIONS

Nong Quynh Van

TNU - University of Education

ARTICLE INFO		ABSTRACT
Received:	20/6/2025	Birth-death processes represent a fundamental class of Markov processes used to model dynamic systems in which states evolve only between adjacent levels via "birth" (an increase by one unit) or "death" (a decrease by one unit) events. This paper presents a systematic overview of birth-death processes, including: (1) the mathematical foundations with precise definitions of transition rates/probabilities; (2) a comprehensive classification based on time structure (discrete/continuous) and process properties (linear, pure); and (3) multidisciplinary applications spanning from biomedical sciences to engineering and economics. The core focus of the paper lies in two key applications: (i) modeling red blood cell dynamics using the Fokker-Planck equation, illustrating the capacity to describe complex physiological processes; and (ii) analysis of the M/M/ ∞ queuing system in service environments, demonstrating efficient resource optimization. These examples highlight the strength of birth-death processes in bridging Markov process theory with real-world problems through a mathematically rigorous yet flexible modeling framework.
Revised:	14/11/2025	
Published:	18/11/2025	
KEYWORDS		
Birth – death processes		
Markov processes		
Stochastic process		
Homogeneous birth death process		
Queuing model M/M/ ∞		

QUÁ TRÌNH SINH - TỬ: TÍNH CHẤT CƠ BẢN VÀ CÁC ỨNG DỤNG THỰC TIỄN

Nông Quỳnh Vân

Trường Đại học Sư phạm - ĐH Thái Nguyên

THÔNG TIN BÀI BÁO	TÓM TẮT
Ngày nhận bài: 20/6/2025	Quá trình sinh-tử là một lớp quá trình Markov cơ bản mô hình hóa các hệ thống động mà trạng thái chỉ biến đổi giữa các mức liên kề thông qua sự kiện "sinh" (tăng 1 đơn vị) hoặc "tử" (giảm 1 đơn vị). Bài báo trình bày tổng quan hệ thống về quá trình sinh-tử, bao gồm: (1) Cơ sở toán học với các định nghĩa chính xác về tốc độ/xác suất chuyển trạng thái; (2) Phân loại đầy đủ theo thời gian (rời rạc/liên tục) và tính chất (tuyến tính, thuần túy); (3) Ứng dụng đa ngành từ y sinh đến kỹ thuật và kinh tế. Trọng tâm bài viết phân tích hai ứng dụng then chốt: (i) Mô hình động lực tế bào hồng cầu sử dụng phương trình Fokker-Planck, minh họa khả năng mô tả quá trình sinh lý phức tạp; (ii) Hệ thống xếp hàng M/M/ ∞ trong dịch vụ, thể hiện hiệu quả tối ưu hóa nguồn lực. Các ví dụ này khẳng định ưu thế của quá trình sinh-tử trong việc kết nối lý thuyết Markov với bài toán thực tiễn nhờ cấu trúc toán học chặt chẽ nhưng linh hoạt.
Ngày hoàn thiện: 14/11/2025	
Ngày đăng: 18/11/2025	
TỪ KHÓA	
Quá trình sinh - tử	
Quá trình Markov	
Quá trình ngẫu nhiên	
Quá trình sinh - tử thuần nhất	
Mô hình xếp hàng M/M/ ∞	

DOI: <https://doi.org/10.34238/tnu-jst.13092>

Email: vannq@tnue.edu.vn

<http://jst.tnu.edu.vn>

256

Email: jst@tnu.edu.vn

1. Giới thiệu

Quá trình sinh-tử (Birth-death processes - BDPs) là một nhánh quan trọng của lý thuyết Markov, mô tả sự chuyển đổi trạng thái theo thời gian của một hệ thống mà các biến động chỉ xảy ra giữa các trạng thái lân cận. Mỗi bước chuyển đổi trong quá trình này đại diện cho một sự kiện “sinh” (tăng một đơn vị trong trạng thái) hoặc “tử” (giảm một đơn vị). Ra đời từ đầu thế kỷ 20, quá trình sinh-tử ban đầu được phát triển nhằm mô hình hóa sự tăng trưởng quần thể dưới ảnh hưởng của các yếu tố nhân khẩu học ngẫu nhiên [1] – [3]. Tuy nhiên, trải qua nhiều thập kỷ, mô hình này đã được mở rộng mạnh mẽ trong lĩnh vực giải tích ngẫu nhiên và được ứng dụng rộng rãi trong sinh học, dịch tễ học, lý thuyết hàng đợi, tài chính, kinh tế học và kỹ thuật.

Theo Beichelt [4] và Goel [5], ngoài vai trò quan trọng trong phân tích động lực quần thể (sự thay đổi về số lượng, mật độ và các đặc điểm khác của quần thể theo thời gian), các mô hình sinh-tử còn hữu ích trong việc mô tả các hệ thống sinh học phức tạp. Đặc biệt trong dịch tễ học, quá trình sinh-tử được sử dụng để phân tích sự lan truyền của các bệnh truyền nhiễm như HIV, bằng cách mô hình hóa các ca nhiễm mới (sinh) và ca tử vong hoặc hồi phục (tử). Chẳng hạn, nghiên cứu của Levin và cộng sự [6] đã xây dựng một mô hình toán học dựa trên quá trình sinh-tử nhằm mô tả động lực số ca nhiễm HIV theo thời gian, qua đó dự đoán xu hướng bùng phát hoặc suy giảm dịch bệnh dựa trên các tham số dịch tễ học cốt lõi.

Trong lĩnh vực sinh thái học, mô hình sinh-tử giúp phân tích sự biến động số lượng cá thể trong quần thể, đánh giá nguy cơ tuyệt chủng và nghiên cứu tương tác giữa các loài [7]. Trong lý thuyết hàng đợi, các mô hình này là công cụ thiết yếu trong việc phân tích và tối ưu hóa hoạt động của các hệ thống dịch vụ, như hệ thống chăm sóc khách hàng, mạng viễn thông, hoặc trung tâm dữ liệu [8]. Ngoài ra, trong tài chính toán học, quá trình sinh-tử được áp dụng để định giá các công cụ phái sinh và mô hình hóa rủi ro tín dụng [9], [10].

Mục tiêu của bài báo là cung cấp cho độc giả một cái nhìn tổng quan về quá trình sinh-tử, từ các đặc tính lý thuyết đến ứng dụng thực tiễn. Do giới hạn thời lượng của bài báo, chúng tôi chỉ tập trung trình bày một số nghiên cứu ứng dụng quá trình sinh-tử quan trọng như mô hình xếp hàng và mô hình phát triển tế bào hồng cầu [11]. Bài báo được cấu trúc như sau: phần 2 giới thiệu định nghĩa và thuộc tính cơ bản của quá trình sinh-tử, phần 3 đi sâu vào các ứng dụng thực tế trong dịch tễ học, lý thuyết hàng đợi.

2. Định nghĩa quá trình sinh-tử và các thuộc tính của nó

2.1. Định nghĩa tổng quát của quá trình sinh-tử

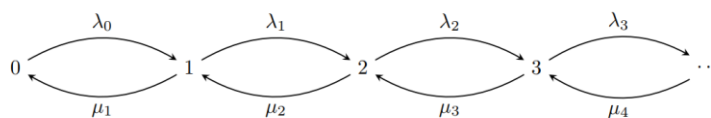
Định nghĩa 2.1. Quá trình sinh-tử là một lớp đặc biệt của *quá trình ngẫu nhiên Markov*, được đặc trưng bởi tính chất Markov, tức là xác suất chuyển trạng thái trong tương lai chỉ phụ thuộc vào trạng thái hiện tại và không phụ thuộc vào lịch sử trước đó. Quá trình này mô tả sự biến động của một quần thể theo thời gian thông qua hai sự kiện chính:

- Sinh (Birth): Sự gia tăng một cá thể trong quần thể (ví dụ: sinh sản, lây nhiễm mới).
- Tử (Death): Sự giảm một cá thể trong quần thể (ví dụ: tử vong, loại bỏ).

Trạng thái của hệ thống, ký hiệu X_n (trong trường hợp thời gian rời rạc) hoặc $X(t)$ (trong trường hợp thời gian liên tục), biểu diễn số lượng cá thể tại bước thời gian n hoặc thời điểm t , thuộc không gian trạng thái $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ (hữu hạn) hoặc $S = \{0, 1, 2, \dots\}$ (vô hạn đếm được). Tính chất Markov đảm bảo rằng các sự kiện sinh và tử chỉ phụ thuộc vào số lượng cá thể hiện tại, giúp đơn giản hóa việc mô hình hóa các hệ thống ngẫu nhiên như sự lây lan dịch bệnh, dòng khách hàng trong hàng đợi, hoặc tăng trưởng quần thể sinh vật.

Tùy thuộc vào trục thời gian (rời rạc/liên tục), quá trình này được đặc trưng bởi:

- Xác suất sinh (p_n) / Tốc độ sinh (λ_n): Xác suất/Cường độ một cá thể mới xuất hiện khi quần thể có n cá thể.
- Xác suất tử (q_n) / Tốc độ tử (μ_n): Xác suất/Cường độ một cá thể biến mất khi quần thể có n cá thể.



Hình 1. Đồ thị chuyển trạng thái của quá trình sinh tử đơn giản

Hình 1 minh họa sơ đồ chuyển trạng thái của một quá trình sinh-tử thời gian liên tục. Mỗi trạng thái được ký hiệu bởi các số tự nhiên $\{0, 1, 2, \dots\}$, biểu thị số lượng cá thể tại thời điểm nhất định. Quá trình chỉ cho phép chuyển trạng thái liên kề: Từ n sang $n + 1$ với tốc độ sinh λ_n ; Từ n sang $n - 1$ với tốc độ tử μ_n .

Sơ đồ này phản ánh tính chất Markov rõ nét: tại một thời điểm, hệ thống chỉ phụ thuộc vào trạng thái hiện tại và không phụ thuộc vào quá khứ. Đồng thời, mỗi lần thay đổi chỉ ảnh hưởng đến một cá thể – tức là quá trình tiến hành theo các bước nhảy đơn vị, đặc trưng của các hệ thống như tăng trưởng quần thể, mô hình xếp hàng, hoặc quá trình ngẫu nhiên trong sinh học.

2.2. Phân loại quá trình sinh-tử theo thời gian

2.2.1. Quá trình sinh tử với thời gian rời rạc

Định nghĩa 2.2. Xét quá trình ngẫu nhiên $\{X_n\}_{n \geq 0}$ biểu diễn kích thước quần thể tại thời điểm n , với không gian trạng thái $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ (hữu hạn) hoặc $S = \{0, 1, 2, \dots\}$ (vô hạn đếm được). Quá trình này được gọi là *quá trình sinh - tử rời rạc* nếu xác suất chuyển trạng thái từ i sang j tại thời điểm n thỏa mãn:

$$p_{ij} = P(X_{n+1} = j | X_n = i) = \begin{cases} p_i & \text{nếu } j = i + 1 \text{ (sinh)} \\ q_i & \text{nếu } j = i - 1 \text{ (tử)} \\ r_i & \text{nếu } j = i \text{ (giữ nguyên)} \\ 0 & \text{trường hợp khác} \end{cases} \quad (1)$$

Với điều kiện chuẩn hóa: $p_i + q_i + r_i = 1; \forall i \in S$.

Trong đó: p_i là xác suất hệ thống tăng thêm một cá thể (sinh) tại trạng thái i ; q_i là xác suất hệ thống giảm đi một cá thể (tử) tại trạng thái i ; $r_i = 1 - p_i - q_i$ là xác suất hệ thống không thay đổi kích thước trạng thái.

Ví dụ 2.1 (Mô hình sinh-tử rời rạc với quần thể vi khuẩn). Xét một quần thể vi khuẩn trong phòng thí nghiệm, tại mỗi thời điểm (đơn vị là giờ), mỗi vi khuẩn có thể: sinh sản (thêm một cá thể) với xác suất $p = 0,3$; chết (giảm một cá thể) với xác suất $q = 0,2$; hoặc giữ nguyên số lượng với xác suất $r = 1 - p - q = 0,5$.

Giả sử ban đầu có $X_0 = 5$ vi khuẩn. Khi đó, quá trình $\{X_n\}_{n \geq 0}$ biểu diễn kích thước quần thể tại mỗi giờ là một quá trình sinh-tử rời rạc với:

$$P(X_{n+1} = j | X_n = i) = \begin{cases} 0,3 & \text{nếu } j = i + 1 \\ 0,2 & \text{nếu } j = i - 1 \\ 0,5 & \text{nếu } j = i \\ 0 & \text{trường hợp khác} \end{cases}$$

2.2.2. Quá trình sinh tử với thời gian liên tục

Định nghĩa 2.3. Một quá trình sinh tử thuần nhất với thời gian liên tục là một chuỗi Markov thời gian liên tục $\{X(t), t \geq 0\}$ với không gian trạng thái $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ (hữu hạn) hoặc $S = \{0, 1, 2, \dots\}$ (vô hạn đếm được). Quá trình này được đặc trưng bởi các xác suất chuyển tiếp vô cùng nhỏ trong khoảng thời gian Δt : $p_{i+j,i}(\Delta t) = P(\Delta X(t) = j | X(t) = i)$.

Trong đó, $\Delta X(t) = X(t + \Delta t) - X(t)$ là sự thay đổi của quá trình trong khoảng thời gian $[t, t + \Delta t]$. Các xác suất chuyển tiếp được xác định như sau:

$$p_{j+i,i}(\Delta t) = \begin{cases} \lambda_i \Delta t + o(\Delta t) & \text{nếu } j = 1, \\ \mu_i \Delta t + o(\Delta t) & \text{nếu } j = -1, \\ 1 - (\lambda_i + \mu_i) \Delta t + o(\Delta t) & \text{nếu } j = 0 \\ o(\Delta t) & \text{nếu } j \neq -1, 0, 1, \end{cases} \quad (2)$$

với: $\lambda_i \geq 0$: Tốc độ sinh tại trạng thái i , tức là tốc độ chuyển từ trạng thái i sang $i + 1$.

• $\mu_i \geq 0$: Tốc độ tử tại trạng thái i , tức là tốc độ chuyển từ trạng thái i sang $i - 1$.

• $o(\Delta t)$: Hàm có giá trị rất nhỏ sao cho $\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0$.

Mô hình toán học của quá trình sinh - tử thuần nhất

Để phân tích xác suất trạng thái $p_{j,i}(t) = P(X(t) = j | X(0) = i)$, ta sử dụng các phương trình vi phân Kolmogorov tiến

$$\begin{aligned} p'_{0,i}(t) &= -\lambda_0 p_{0,i}(t) + \mu_1 p_{1,i}(t), \\ p'_{j,i}(t) &= \lambda_{j-1} p_{j-1,i}(t) - (\lambda_j + \mu_j) p_{j,i}(t) + \mu_{j+1} p_{j+1,i}(t), \\ p'_{N,i}(t) &= -\lambda_{N-1} p_{N-1,i}(t) + \mu_N p_{N,i}(t), \end{aligned} \quad (3)$$

với $j = 1, 2, \dots, N$ và $p'_{j,i}(t) = \frac{d}{dt} p_{j,i}(t)$.

Các phương trình này mô tả sự thay đổi của xác suất trạng thái theo thời gian.

Ví dụ 2.2 (Mô hình bệnh nhân đến phòng khám). Giả sử một phòng khám bệnh có thể tiếp nhận bệnh nhân đến theo luật Poisson với tốc độ $\lambda = 2$ người/giờ, và thời gian khám bệnh cho mỗi bệnh nhân tuân theo phân phối mũ với tốc độ $\mu = 1$ người/giờ (tức trung bình mỗi lượt khám mất 1 giờ).

Tại thời điểm t , nếu có n bệnh nhân đang chờ hoặc được phục vụ, thì: Xác suất có thêm một người đến trong khoảng thời gian rất nhỏ dt là λdt ; Xác suất có một người rời đi là $n\mu dt$; Các thay đổi trạng thái khác có xác suất bậc cao hơn $o(dt)$ (nghĩa là nhỏ đến mức có thể bỏ qua trong mô hình).

Gọi $X(t)$ là số bệnh nhân đang có mặt trong hệ thống tại thời điểm t , bao gồm cả đang chờ và đang được khám. Khi đó, quá trình $\{X(t), t \geq 0\}$ là một quá trình sinh-tử liên tục thuần nhất, với:

• Tốc độ sinh: $\lambda_n = \lambda = 2$; Tức trung bình có 2 người đến mỗi giờ, không phụ thuộc vào số lượng bệnh nhân hiện tại.

• Tốc độ tử: $\mu_n = n\mu = n$; Vì mỗi bệnh nhân rời hệ thống (kết thúc khám) với tốc độ $\mu = 1$, nên nếu có n bệnh nhân thì tốc độ tổng thể là n .

Mô hình này phản ánh một hệ thống xếp hàng $M/M/\infty$, trong đó: Số lượng bác sĩ là đủ lớn để đảm bảo rằng mọi bệnh nhân đều được khám ngay khi đến, tức là thời gian chờ đợi là không đáng kể; Mỗi bệnh nhân được phục vụ độc lập, và quá trình đến – đi diễn ra ngẫu nhiên.

Mô hình $M/M/\infty$ như vậy thường được sử dụng để mô tả các hệ thống dịch vụ quy mô lớn (ví dụ: trung tâm tư vấn y tế trực tuyến, dịch vụ máy chủ đám mây), nơi khả năng xử lý mở rộng linh hoạt và không tạo ra tắc nghẽn nghiêm trọng. Mô hình này được trình bày chi tiết trong mục 3.2.

2.3. Các thuộc tính và biến thể của quá trình sinh-tử

2.3.1. Các thuộc tính quan trọng

Trong lý thuyết chuỗi Markov, các trạng thái có thể được phân loại dựa trên khả năng quá trình quay trở lại trạng thái đó.

Định nghĩa 2.4 (Trạng thái tạm thời và tái diễn). Một trạng thái i được gọi là *tái diễn* nếu xác suất để quá trình quay lại trạng thái đó là 1, tức là $f_{ii} = 1$. Trạng thái i là *tạm thời* nếu $f_{ii} < 1$, trong đó $f_{ii} = \sum_{n=1}^{\infty} f_{ii}^{(n)}$ (4)

với $f_{ii}^{(n)} = P(X_n = i, X_m \neq i, m = 1, 2, \dots, n-1 | X_0 = i)$ là xác suất mà một chuỗi Markov bắt đầu từ trạng thái i , sau n bước, lần đầu quay lại trạng thái i .

Một thuộc tính quan trọng trong mô hình quá trình sinh-tử là *thời gian trung bình đến tuyệt chủng*. Đây là thời gian trung bình cần thiết để một quần thể với kích thước ban đầu là k (số cá thể) đạt đến trạng thái tuyệt chủng (kích thước quần thể bằng 0). Ký hiệu τ_k biểu thị thời gian trung bình này, với điều kiện $\tau_0 = 0$ (quần thể đã tuyệt chủng khi không còn cá thể nào).

Định nghĩa 2.5. Cho một quần thể với kích thước ban đầu $k \geq 1$, *thời gian trung bình đến tuyệt chủng* τ_k thỏa mãn phương trình sai phân sau:

$$\tau_k = p_k(1 + \tau_{k+1}) + q_k(1 + \tau_{k-1}) + (1 - p_k - q_k)(1 + \tau_k), \quad k = 1, 2, \dots \quad (5)$$

Trong đó: p_k là xác suất quần thể tăng từ k lên $k + 1$; q_k là xác suất quần thể giảm từ k xuống $k - 1$; $(1 - p_k - q_k)$ là xác suất quần thể giữ nguyên kích thước.

2.3.2. Các biến thể đặc biệt của quá trình sinh-tử

a. Quá trình sinh - tử tuyến tính

Định nghĩa 2.6. Quá trình $\{X(t), t \geq 0\}$ được gọi là *quá trình sinh - tử tuyến tính* nếu các tốc độ chuyển trạng thái được xác định như sau: $\lambda_i = i\lambda$, $\mu_i = i\mu$, $i = 0, 1, 2, \dots$ (6)

Trong đó, $\lambda \geq 0$: Tốc độ sinh cơ bản của mỗi cá thể, $\mu \geq 0$: Tốc độ tử cơ bản của mỗi cá thể.

Quá trình này mô tả một quần thể trong đó mỗi cá thể độc lập sinh ra một cá thể mới với tốc độ λ và chết với tốc độ μ . Trạng thái 0 (tuyệt chủng) là trạng thái hấp thụ, nghĩa là khi quần thể đạt $X(t) = 0$, không có cá thể nào sinh ra ($\lambda_0 = 0$).

Mô hình toán học của quá trình sinh - tử tuyến tính

Quá trình được phân tích với điều kiện ban đầu: $p_1(0) = P(X(0) = 1) = 1$, tức là quần thể bắt đầu với một cá thể duy nhất ($X(0) = 1$). Các phương trình vi phân Kolmogorov tiến cho xác suất trạng thái $p_j(t) = P(X(t) = j)$ được suy ra từ các tốc độ chuyển (6):

$$\begin{aligned} p'_0(t) &= \mu p_1(t), \\ p'_j(t) &= (j-1)\lambda p_{j-1}(t) - j(\lambda + \mu)p_j(t) + (j+1)\mu p_{j+1}(t), \quad \text{với } j = 1, 2, \dots \text{ và} \\ p'_j(t) &= \frac{d}{dt} p_j(t). \end{aligned} \quad (7)$$

Các phương trình này mô tả sự thay đổi của xác suất trạng thái theo thời gian, với các thành phần:

- Sinh: Từ trạng thái $j - 1$ sang j với tốc độ $(j - 1)\lambda$,
- Tử: Từ trạng thái $(j + 1)$ sang j với tốc độ $(j + 1)\mu$,
- Giữ nguyên: Tốc độ rời khỏi trạng thái j là $-j(\lambda + \mu)$.

b. Quá trình sinh thuần túy

Định nghĩa 2.7. Một chuỗi Markov thời gian liên tục $\{X(t), t \geq 0\}$ trên không gian trạng thái $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ (với N có thể hữu hạn hoặc vô hạn), chỉ cho phép chuyển trạng thái từ i sang $i + 1$ với mọi i từ 0 đến $N - 1$, được gọi là *quá trình sinh thuần túy*. Trong quá trình này, kích thước quần thể chỉ có thể tăng lên.

Nếu N là hữu hạn, trạng thái N là một trạng thái hấp thụ, nghĩa là quần thể không thể tăng trưởng thêm nữa.

Mô hình toán học của quá trình sinh thuần túy

Quá trình được phân tích với điều kiện ban đầu: $p_N(0) = P(X(0) = N) = 1$, tức là quần thể bắt đầu với N cá thể. Các xác suất trạng thái tuyệt đối $p_i(t) = P(X(t) = i)$ bằng với xác suất chuyển trạng thái $p_{N,i}(t) = P(X(t) = i | X(0) = N)$, và $p_i(t) = 0$ với $i < N$, vì quần thể không thể giảm kích thước.

Quá trình được mô tả bởi ma trận sinh Q , với các phần tử:

$$q_{i,j} = \begin{cases} \lambda_i & \text{nếu } j = i + 1, \\ -\lambda_i & \text{nếu } j = i, \\ 0 & \text{nếu } j \neq i, \quad i + 1. \end{cases} \quad (8)$$

Xác suất trạng thái $p_i(t) = P(X(t) = i)$ là nghiệm của hệ phương trình vi phân Kolmogorov tiến:

$$p'_0(t) = \mu p_1(t),$$

$$p'_j(t) = (j-1)\lambda p_{j-1}(t) - j(\lambda + \mu)p_j(t) + (j+1)\mu p_{j+1}(t), \text{ với } j = 1, 2, \dots \text{ và} \\ p'_j(t) = \frac{d}{dt}p_j(t). \quad (9)$$

c. *Quá trình tử thuần túy*

Định nghĩa 2.8. Một quá trình sinh tử trong đó chỉ có thể chuyển trạng thái từ i sang $i-1$ với mọi $i = 1, 2, \dots$, được gọi là *quá trình tử thuần túy*.

Mô hình toán học của quá trình tử thuần túy

Giả sử phân phối ban đầu là: $p_N(0) = P(X(0) = N) = 1$, tức là hệ thống bắt đầu ở trạng thái N . Khi đó, hệ phương trình vi phân Kolmogorov tiến mô tả sự tiến triển của xác suất trạng thái theo thời gian là:

$$p'_N(t) = \mu_N p_N(t), \\ p'_j(t) = -\mu_j p_j(t) + \mu_{j+1} p_{j+1}(t), \quad i = 0, 1, \dots, N-1 \text{ trong đó } p'_i(t) = \frac{d}{dt}p_i(t). \quad (10)$$

3. Ứng dụng của quá trình sinh-tử

Trong mục này, chúng tôi nghiên cứu ứng dụng của quá trình sinh tử vào các bài toán thực tiễn như: mô tả quá trình trưởng thành và thanh thải các tế bào hồng cầu ở người và quản lý hàng đợi trong các hệ thống dịch vụ.

3.1. Mô hình mô tả quá trình trưởng thành và thanh thải các tế bào hồng cầu ở người

3.1.1. Đặt vấn đề

Tế bào hồng cầu là thành phần quan trọng vận chuyển oxy trong cơ thể, duy trì số lượng, kích thước (thể tích), và lượng hemoglobin ở trạng thái cân bằng khi cơ thể khỏe mạnh. Tuy nhiên, các bệnh như thiếu máu (bao gồm thiếu máu do tan máu và thiếu sắt) làm rối loạn sự cân bằng này. Nghiên cứu của Higgins và Mahadevan [11] đã xây dựng một mô hình toán học dựa trên quá trình sinh-tử và phương trình Fokker-Planck để mô tả cách tế bào hồng cầu phát triển và bị loại bỏ, nhằm hiểu rõ sự thay đổi theo thời gian, dự đoán các vấn đề sức khỏe, và hỗ trợ nghiên cứu y học. Vì có hàng tỷ tế bào trong cơ thể, mô hình tập trung vào hành vi chung của toàn bộ nhóm, dựa trên dữ liệu xét nghiệm công thức máu toàn phần (CBC), giúp việc phân tích trở nên thực tế và hiệu quả.

3.1.2. Mô hình toán học

Mô hình của Higgins và Mahadevan [11] mô tả động lực học quần thể hồng cầu thông qua quá trình sinh tử, trong đó:

- Sinh (birth): Hồng cầu mới được sản xuất từ tủy xương với tốc độ xác định.
- Tử (death): Hồng cầu bị loại bỏ khỏi tuần hoàn do lão hóa hoặc tổn thương.

Mô hình tập trung mô tả phân phối xác suất kết hợp theo thời gian của thể tích v và hàm lượng Hemoglobin h , ký hiệu là $P(v, h, t)$. Phân phối này được xấp xỉ bằng phương trình Fokker-Planck, mô tả các thành phần dịch chuyển có hướng, thành phần khuếch tán, tỷ lệ sinh, và tỷ lệ tử của quần thể tế bào hồng cầu.

Mô hình sử dụng các ký hiệu sau:

- v – thể tích của tế bào hồng cầu;
- h – hàm lượng hemoglobin;
- t – thời gian;
- f – phần giảm định hướng;
- ξ – nhiễu ngẫu nhiên;
- β – tham số điều chỉnh thay đổi nhanh;
- α – tham số điều chỉnh thay đổi chậm.

a. Phương trình động lực học

Động lực học của thể tích và hemoglobin được mô tả bởi hệ phương trình vi phân:

$$\frac{dv}{dt} = f_v + \xi, \quad \frac{dh}{dt} = f_h + \xi \quad (11)$$

trong đó

$f_v = \alpha e^{\beta v}(v - h)$, thay đổi của thể tích, $f_h = \alpha e^{\beta h}(h - v)$, thay đổi của hemoglobin và biến động ngẫu nhiên ξ tuân theo phân phối chuẩn với kỳ vọng bằng 0 và phương sai được xác định như sau:

$$\xi = \begin{cases} \mathcal{N}(0, 2D_v), & \text{biến động của thể tích,} \\ \mathcal{N}(0, 2D_h), & \text{biến động của hemoglobin.} \end{cases}$$

Động lực học của toàn bộ quần thể hồng cầu được mô tả bằng phương trình Fokker-Planck cho phân bố xác suất thể tích-hemoglobin $P(v, h, t)$:

$$\frac{\partial P}{\partial t} = -\nabla \cdot (Pf) + \nabla \cdot (D \cdot \nabla P) + b(v, h, t) - d(v, h, t)P, \quad (12)$$

với ma trận khuếch tán

$$D = \begin{bmatrix} D_v & 0 \\ 0 & D_h \end{bmatrix}.$$

trong đó:

- $-\nabla \cdot (Pf)$: Thành phần dịch chuyển có hướng, biểu thị xu hướng thay đổi xác định của phân phối.
- $\nabla \cdot (D \cdot \nabla P)$: Thành phần khuếch tán, phản ánh biến động ngẫu nhiên.
- $b(v, h, t)$: Tỷ lệ sinh, biểu thị sự sản sinh tế bào hồng cầu từ tủy xương.
- $d(v, h, t)P$: Tỷ lệ tử, biểu thị sự thanh thải tế bào do lão hóa hoặc tổn thương.

Quá trình sinh và tử (b và d) trong phương trình này phản ánh việc các tế bào hồng cầu liên tục được thêm vào quần thể từ tủy xương và bị loại bỏ khỏi tuần hoàn do các cơ chế khác nhau. Trong trạng thái cân bằng động ở người khỏe mạnh hoặc trong các trường hợp thiếu máu nhẹ, tổng số tế bào hồng cầu được sinh ra (birth) bằng tổng số tế bào bị loại bỏ (death):

$$\iint d(v, h)P \, dv \, dh = \iint b(v, h) \, dv \, dh.$$

b. Trạng thái ổn định

Ở người khỏe mạnh, công thức máu toàn phần (CBC) đạt trạng thái ổn định, tức là $P(v, h, t)$ hội tụ về phân phối trạng thái ổn định $P_\infty(v, h)$:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(v, h, t) = P_\infty(v, h), \quad \text{với} \quad \frac{\partial P_\infty}{\partial t} = 0.$$

Để phân tích dữ liệu của từng bệnh nhân, Higgins và Mahadevan [11] đã xác định một bộ tham số tối ưu (α, β, D, v_c) sao cho mô hình có thể tái tạo chính xác trạng thái ổn định quan sát được từ các chỉ số CBC của bệnh nhân đó. Việc này được thực hiện thông qua phương pháp bình phương tối thiểu để tìm ra sự phù hợp tốt nhất giữa dữ liệu CBC đo được và phân phối trạng thái ổn định theo mô phỏng.

Phân phối trạng thái ổn định P_∞ được xác định bằng phương pháp giải tích, dựa trên hai giả thiết quan trọng:

- Thứ nhất, tốc độ thanh thải tế bào (w) là một hàm tuyến tính theo trạng thái.
- Thứ hai, tổng tốc độ sinh mới của tế bào là một hằng số, được xác định bởi nghịch đảo của hai lần tuổi thọ trung bình của tế bào hồng cầu, tức $\frac{1}{2\tau}$.

Điều này có nghĩa là ở trạng thái ổn định, quá trình tạo mới hồng cầu được duy trì ở một tốc độ không đổi, và tốc độ này tỷ lệ nghịch với tuổi thọ trung bình của tế bào. Nói cách khác, tuổi thọ càng ngắn thì cơ thể càng phải sản sinh hồng cầu nhanh hơn để duy trì trạng thái cân bằng.

Khi đạt trạng thái ổn định ($\frac{\partial P_\infty}{\partial t} = 0$), phương trình Fokker-Planck trở thành:

$$\begin{aligned} \frac{\partial P_\infty}{\partial t} = 0 &= -JP_\infty + LP_\infty + wP_\infty + P_0 \int_h \int_v d(v, h), \\ \frac{\partial P_\infty}{\partial t} &= (-J + L + w)P_\infty + P_0 \frac{1}{2\tau} \Leftrightarrow P_\infty = -(-J + L + w)^{-1} P_0 \frac{1}{2\tau}. \end{aligned}$$

Trong đó, w đại diện cho xác suất thanh thải tế bào, và J (thành phần dịch chuyển có hướng), L (thành phần khuếch tán) lần lượt là các nghiệm bậc nhất và bậc hai của phương trình Fokker-Planck, được tính toán bằng phương pháp số:

$$J = \Delta_k \frac{[f - P](v)}{k} + \Delta_k \frac{[f - P](h)}{k}, \quad L = \frac{D_v \delta_k^2[p](v)}{k^2} + \frac{D_h \delta_k^2[p](h)}{k^2}.$$

Và P_0 là hằng số tỷ lệ sinh, bằng nghịch đảo của gấp đôi tuổi thọ trung bình $\left(\frac{1}{2\tau}\right)$, với τ là tuổi thọ trung bình của tế bào hồng cầu.

c. Kết luận

Từ phân tích mô hình của mình, các tác giả đã đưa ra các kết luận sau:

- Mô hình dựa trên quá trình sinh-tử và phương trình Fokker-Planck đã mô tả thành công quá trình trưởng thành (từ tế bào gốc đến hồng cầu trưởng thành trong 7-10 ngày) và thanh thải (qua lá lách sau 120 ngày) của tế bào hồng cầu, phản ánh chính xác chu kỳ sống tự nhiên.
- Mô hình hỗ trợ hiệu quả trong việc hiểu rõ hơn về sự phát triển và loại bỏ tế bào, đồng thời cung cấp công cụ dự đoán và phân tích thiếu máu thông qua dữ liệu xét nghiệm máu (CBC).
- Mô hình có hạn chế khi không thể mô phỏng các bệnh phức tạp như thiếu máu nặng do thiếu dữ liệu chi tiết, và phụ thuộc nhiều vào chất lượng xét nghiệm máu.
- Kết quả nghiên cứu khẳng định giá trị của phương pháp thống kê trong nghiên cứu sinh học, đồng thời mở ra tiềm năng ứng dụng rộng rãi trong các lĩnh vực như huyết học và bệnh học.

3.2. Quản lý hàng đợi và mô hình xếp hàng trong các hệ thống dịch vụ

3.2.1. Đặt vấn đề

Một ứng dụng quan trọng của các quá trình sinh-tử liên quan đến mô hình hóa các cơ sở dịch vụ, được trình bày trong nghiên cứu của Beichelt [8]. Trong đó, sự xuất hiện của khách hàng tại một cơ sở dịch vụ được xem như một quá trình ngẫu nhiên. Khi có máy chủ sẵn sàng, khách hàng sẽ được phục vụ ngay lập tức. Tuy nhiên, nếu tất cả các máy chủ đều bận, khách hàng có thể phải chờ đợi hoặc rời đi mà không nhận được dịch vụ. Việc quản lý hiệu quả quá trình này là một trong những yêu cầu cốt lõi nhằm nâng cao chất lượng dịch vụ, giảm thiểu thời gian chờ đợi và tối ưu hóa nguồn lực phục vụ.

Các hệ thống hàng đợi có thể được phân thành ba loại cơ bản:

- Hệ thống tổn thất (Loss system): Đây là loại hệ thống không cho phép khách hàng chờ đợi. Khi khách hàng đến mà không có máy chủ nào rảnh để phục vụ, họ sẽ ngay lập tức rời khỏi hệ thống mà không được phục vụ.
- Hệ thống chờ đợi (Waiting system): Trong hệ thống này, khách hàng sẽ đợi cho đến khi được phục vụ. Hệ thống có khả năng chờ đợi không giới hạn hoặc vô hạn.
- Hệ thống chờ đợi-tổn thất (Waiting-loss system): Trong hệ thống này, chỉ một số lượng khách hàng nhất định có thể chờ đợi do khả năng chờ đợi bị giới hạn.

Hệ thống có nhiều máy chủ được gọi là hệ thống đa máy chủ, trong khi hệ thống chỉ có một máy chủ được gọi là hệ thống đơn máy chủ.

Phân tích quản lý hàng đợi tập trung vào khía cạnh vận hành và ra quyết định: cần bao nhiêu máy chủ để đáp ứng nhu cầu? Có nên phân luồng khách theo mức độ ưu tiên? Làm sao để giảm số khách rời đi mà không được phục vụ?

Vì thế để thiết kế và đánh giá hiệu quả hoạt động của các hệ thống quản lý hàng đợi, lý thuyết xếp hàng (queueing theory) cung cấp một khung mô hình toán học chặt chẽ. Theo Beichelt [8], các tiêu chí cần quan tâm bao gồm xác suất mà khách hàng đến sẽ được phục vụ; và thời gian trung bình mà khách hàng phải chờ đợi để được phục vụ.

3.2.2. Mô hình toán học

a. Các ký hiệu

Một hệ thống xếp hàng thường được mô tả bằng ký hiệu Kendall dưới dạng: $A/B/s/m$

Trong đó:

- A : Phân phối thời gian đến (arrival process),
- B : Phân phối thời gian phục vụ (service process),
- s : Số lượng máy chủ,
- m : Sức chứa tối đa của hệ thống (số khách hàng).

Trong phạm vi nghiên cứu này, chúng tôi tập trung vào mô hình xếp hàng sử dụng quá trình sinh tử. Trong số các mô hình xếp hàng thuộc họ Markov, mô hình $M/M/\infty$ được lựa chọn vì tính đơn giản về mặt toán học nhưng vẫn đủ khả năng mô tả những hệ thống có số lượng nguồn phục vụ rất lớn hoặc không giới hạn – ví dụ như các hệ thống chăm sóc y tế từ xa, dịch vụ điện toán đám mây, hoặc truy cập dữ liệu song song. Khác với các mô hình như $M/M/1$ hoặc $M/M/c$, nơi người dùng có thể phải chờ đợi khi tất cả các kênh phục vụ đều bận, mô hình $M/M/\infty$ giả định rằng mỗi khách hàng đến hệ thống luôn được phục vụ ngay lập tức mà không cần xếp hàng. Điều này phản ánh chính xác các bối cảnh dịch vụ hiện đại có khả năng mở rộng linh hoạt nguồn lực (như hệ thống tự động, các máy chủ mạng lớn, hoặc dịch vụ phân phối không giới hạn), từ đó giúp đơn giản hóa quá trình phân tích và cung cấp công thức chính xác cho phân phối trạng thái dừng cũng như các chỉ tiêu hiệu suất quan trọng.

b. Mô hình $M/M/\infty$

Mô hình $M/M/\infty$ là một hệ thống với:

- Quá trình khách đến là Poisson với cường độ λ ,
- Thời gian phục vụ là phân phối mũ với cường độ μ ,
- Số lượng máy chủ là vô hạn.

Khi đó số khách hàng đến hệ thống tại thời điểm t , $\{X(t), t \geq 0\}$, là một quá trình sinh-tử thuần nhất trên không gian trạng thái $\mathbb{Z}$ với tỉ lệ sinh, tử tương ứng: $\lambda_i = \lambda$, $\mu_i = i\mu$ (tức là ở trạng thái i , khách hàng đến hệ thống với cường độ không đổi λ , không phụ thuộc vào số khách đang có; đồng thời vì có i khách đang được phục vụ độc lập, mỗi khách có tỷ lệ rời khỏi hệ thống là μ , nên tổng tỷ lệ khách rời hệ thống là $i\mu$) và phân phối ban đầu $p_0(0) = P(X(0) = 0) = 1$ (điều này đảm bảo ở thời điểm bắt đầu $t = 0$, hệ thống có ít nhất 1 khách hàng đến phục vụ).

Do đó, hệ các phương trình vi phân mô tả hệ thống có dạng:

$$\begin{aligned} p'_0(t) &= \mu p_1(t) - \lambda p_0(t), \\ p'_j(t) &= \lambda p_{j-1}(t) - (\lambda + \mu j)p_j(t) + (j+1)\mu p_{j+1}(t), \quad j = 1, 2, \dots \end{aligned} \quad (13)$$

Để giải hệ phương trình vi phân trên, ta sử dụng hàm sinh xác suất, được định nghĩa như sau:

$$M(t, z) = \sum_{i=0}^{\infty} p_i(t) z^i,$$

trong đó $p_i(t) = P(X(t) = i)$ và z là một biến phụ trợ. Hàm này mã hóa tất cả các xác suất trạng thái thành một chuỗi lũy thừa.

Nhân phương trình thứ j với z^j và lấy tổng từ $j = 0$ đến ∞ ta thu được một phương trình vi phân tuyến tính thuần nhất cho hàm sinh xác suất:

$$\frac{\partial M(t, z)}{\partial t} + \mu(z-1) \frac{\partial M(t, z)}{\partial z} = \lambda(z-1)M(t, z).$$

Khi đó, hệ các phương trình vi phân tương ứng là

$$\frac{\partial M(t, z)}{\partial z} = \mu(z-1)M(t, z), \quad \frac{\partial M(t, z)}{\partial t} = \lambda(z-1)M(t, z).$$

Từ điều kiện ban đầu $p_0(0) = 1$ suy ra $M(0, z) = 1$. Tách biến và lấy tích phân các phương trình vi phân ta được

$$M(t, z) = e^{\frac{-\lambda}{\mu}(1-e^{-\mu t})} e^{\frac{\lambda}{\mu}(1-e^{-\mu t})z}.$$

Để có được các xác suất trạng thái tuyệt đối, chúng ta cần khai triển hàm sinh xác suất và trích ra hệ số của z^j :

$$p_j(t) = \frac{\frac{\lambda}{\mu}(1-e^{-\mu t})^j}{j!} e^{-\frac{\lambda}{\mu}(1-e^{-\mu t})}.$$

Đây là phân phối Poisson với cường độ $\frac{\lambda}{\mu}(1 - e^{-\mu t})$. Khi $t \rightarrow \infty$, các xác suất trạng thái tuyệt đối $p_j(t)$ hội tụ về các xác suất trạng thái dừng:

$$\pi_j = \lim_{t \rightarrow \infty} p_j(t) = \frac{\left(\frac{\lambda}{\mu}\right)^j}{j!} e^{-\frac{\lambda}{\mu}}, \quad j = 0, 1, \dots$$

Ở trạng thái dừng, trung bình số lượng máy chủ bận bằng với cường độ lưu lượng của hệ thống: $E[X] = \frac{\lambda}{\mu}$. Điều này cho thấy trung bình số khách hàng đang được phục vụ (hoặc máy chủ bận) bằng cường độ đến chia cho cường độ phục vụ.

4. Kết luận

Bài báo này đã cung cấp một cái nhìn tổng quan có hệ thống về quá trình sinh–tử, từ cơ sở lý thuyết nền tảng đến các ứng dụng thực tiễn trong nhiều lĩnh vực. Thông qua việc phân tích cấu trúc toán học và phân loại các dạng mô hình, bài viết nhấn mạnh vai trò trung tâm của BDPs trong việc mô hình hóa các hệ thống động có trạng thái thay đổi đơn vị.

Điểm nổi bật của nghiên cứu là việc minh họa hai ứng dụng tiêu biểu: mô hình hóa động lực học của tế bào hồng cầu sử dụng phương trình Fokker–Planck, và phân tích hệ thống xếp hàng $M/M/\infty$ trong môi trường dịch vụ. Cả hai ví dụ đều thể hiện rõ vai trò của BDPs trong việc kết nối lý thuyết xác suất với các vấn đề thực tiễn có cấu trúc ngẫu nhiên. Từ đó, có thể thấy rằng với sự kết hợp giữa tính đơn giản trong biểu diễn và tính linh hoạt trong ứng dụng, các mô hình sinh–tử không chỉ là một công cụ toán học mạnh mẽ mà còn là một hướng tiếp cận hiệu quả trong nghiên cứu định lượng hiện đại.

TÀI LIỆU THAM KHẢO/ REFERENCES

- [1] G. U. Yule, “A mathematical theory of evolution, based on the conclusions of Dr. J.C. Willis, F.R.S,” *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Ser. B.*, vol. 213, pp. 21–87, 1924.
- [2] D. G. Kendall, “On the generalized “birth-and-death” process,” *The Annals of Mathematical Statistics*, vol. 19, pp. 1–15, 1948.
- [3] L. J. Allen, *An introduction to stochastic processes with applications to biology*, Chapman and Hall/CRC, 2010.
- [4] F. Beichelt, *Applied probability and Stochastic*, Chapman and Hall/CRC, 2016.
- [5] N. S. Goel and N. Richter-Dyn, *Stochastic Models in Biology*, Academic Press, 2013.
- [6] B. R. Levin *et al.*, “Epidemiology, evolution, and future of the HIV/AIDS pandemic,” *Emerging Infectious Diseases*, vol. 7, no. 3, pp. 417–505, 2001.
- [7] M. J. Leach *et al.*, “Stochasticity in social structure and mating system drive extinction risk,” *Ecosphere*, vol. 11, no. 2, pp. 1–13, 2020.
- [8] F. Beichelt, *Stochastic Processes in Science, Engineering and Finance*, Chapman and Hall/CRC, 2006.
- [9] D. Lando, *Credit Risk Modeling: Theory and Applications*, Princeton University Press, 2004.
- [10] R. A. Jarrow and S. M. Turnbull, “Pricing derivatives on financial securities subject to credit risk,” *Journal of Finance*, vol. 50, no. 1, pp. 53–85, 1995.
- [11] J. M. Higgins and L. Mahadevan, “Physiological and pathological population dynamics of circulating human red blood cells,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 107, no. 47, pp. 20587–20592, 2010.