

# Simulation normalisierter BPDL Prozesse

Boris Prochnau

Geboren am 22. Dezember 1989 in Tartu

10. Juli 2014

Bachelorarbeit Mathematik

Betreuer: Prof. Dr. Anton Bovier

INSTITUT FÜR ANGEWANDTE MATHEMATIK

MATHEMATISCH-NATURWISSENSCHAFTLICHE FAKULTÄT DER  
RHEINISCHEN FRIEDRICH-WILHELMS-UNIVERSITÄT BONN



## **Inhaltsverzeichnis**

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Modell</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Algorithmus</b>	<b>3</b>
<b>4</b>	<b>Simulation</b>	<b>3</b>
<b>5</b>	<b>Korrektheit der Implementation</b>	<b>3</b>
<b>6</b>	<b>TSS Prozesse</b>	<b>3</b>
<b>7</b>	<b>Ausblick</b>	<b>3</b>

# 1 Einleitung

Das Ziel dieser Bachelorarbeit ist es ein Programm zu entwickeln welches den zeitlichen Verlauf von sogenannten normalisierten BPDFL Prozessen graphisch darstellt.

Diese BPDFL (von Bolker, Pacala, Dieckmann und Law) Prozesse basieren auf einem stochastischen Populationsmodell, welches im nächsten Kapitel näher vorgestellt wird.

Dem Programm sollte es möglich sein die Parameter einer Population festlegen zu können und die Entwicklung dieser Population schließlich zeitlich verfolgen zu können. Auf diese Weise soll man beobachten können ob sich ein Merkmal gegenüber einem anderen durchsetzen kann oder sich ein stabiler Zustand einpendelt. Insbesondere kann der Einfluss der Normalisierung auf das vorzeitige Aussterben eines Prozesses deutlich dargestellt werden.

Alle Simulationen basieren auf einem Modell, dass jedes Lebewesen einer Population (z.B. Pflanzen) ein bestimmtes Merkmal trägt. Diese Merkmale werden durch Wettbewerb zu jeder existenten Gruppe, Geburten und Todesraten klassifiziert. Schließlich ist es jedoch die Entwicklung der Population und nicht der Individuen die simuliert werden soll, weshalb man im simulierten Prozess zwar den Tod und die Geburt von Individuen verfolgen kann, aber nicht die Entwicklung spezieller Individuen. Der Übergang zu dieser Sichtweise wird näher im 2. Kapitel beschrieben und krönt in der Konvergenz zu einer deterministischen Funktion.

Um zu Prüfen ob und wie schnell der Prozess gegen seinen stabilen Zustand konvergiert, werden in der Simulation auch stabile Zustände für diverse Situationen automatisch dazu gestellt. Anhand dieser können individuelle und dynamische Abbruchkriterien formuliert werden.

Schließlich werde ich noch kurz die TSS Prozesse und ein weiteres Programm vorstellen, welches die bisher betrachteten BPDFL Prozesse erweitert auf TSS-Prozesse. Dabei sollen nicht nur das besonders interessante Verhalten vom Wechsel des dominanten Merkmals simuliert werden, sondern es wird eine verbesserte Laufzeit durch Interpolation vorgestellt die eine effiziente Simulation trotz sehr großer Zeit und besonders präzise Betrachtung von Aktionsreichen Gebieten anbietet.

## 2 Modell

Das verwendete Model lehnt sich an das Model aus [...] an. Jedoch wurde für meine Simulation einige kleine Änderungen gewünscht.

Grundgerüst:

- Jedes Individuum hat ein Merkmal  $x \in X$ .  
Der Einfachheit halber sei  $X$  eine Indexmenge:  $X = \{1, \dots, n\}$  repräsentativ für eine Durchzählung der Merkmale.
- Jedes Individuum kann sich asexuell fortpflanzen oder sterben
- Tod und Fortpflanzung sind Ereignisse deren erstes Eintreffen durch sogenannte exponentielle Uhren beschrieben werden können. Diese Uhren haben exponentiell verteilte Weckzeiten. Durch die Gedächtnislosigkeit der Exponentialverteilung, können die Uhren nach dem klingeln der ersten neu gestellt werden.

Gleich wird klar dass diese Eigenschaft entscheiden ist um die Sichtweise von der Ebene des Individuums auf die gesamte Population zu heben.

Diese Todes und Fortpflanzungs- Ereignisse eines Individuums haben feste Raten die das Merkmal des Individuums auszeichnen.

- $b(x)$ : Geburtenraten durch ein Individuum mit Merkmal  $x$
- $d(x)$ : natürliche Todesrate
- $c(x,y)$ : Todesrate durch Wettbewerb zwischen Individuen mit Merkmal  $x$  und  $y$ .
- $\mu$ : Mutationswahrscheinlichkeit "auf die Nachbarn" mit je  $\frac{\mu}{2}$  pro Nachbar.

Durch Superposition lassen sich die beiden Todesraten zu einer gemeinsamen Todesrate zusammenfassen oder die Geburtenrate z.B. zu einer intrinsischen Geburtenrate auftrennt.

- intrinsische Geburtenrate:  $b(x) \cdot (1 - \mu)$
- Todesrate:  $d(x) + \sum_{i=1}^{N_t} c(x, x_i)$ ,  $N_t = \#Individuen$  zum Zeitpunkt  $t$ , und  $x_i$  das Merkmal des  $i$ -ten Individuums.
- ODER Todesrate:  $d(x) + \sum_{i=1}^n c(x, x_i) \cdot n_t(x_i)$ ,  $n = \#Merkmale$ , und  $n_t(x_i) = \#Individuen$  mit Merkmal  $x_i$  zur Zeit  $t$ .

### **3 Algorithmus**

### **4 Simulation**

### **5 Korrektheit der Implementation**

### **6 TSS Prozesse**

### **7 Ausblick**

- Weiteres Abbruchkriterium = Zeit : sehr einfach zu implementieren.