

# LOKTA-VOLTERRA Reporte

Diego Guerrero

11/29/2021

## Proyecto final Ecuaciones Diferenciales Ordinarias: Ajustando el modelo de Lotka - Volterra a datos de una serie de tiempo con el paquete `gauseR`.

Resumen: ## DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO ### Introducción

$$\frac{dN}{dt} = aN - bNP, \quad (1) \quad \frac{dP}{dt} = -cP + dNP, \quad (2)$$

## Ajustando el modelo matemático a los datos ### Parte 1: Crecimiento logístico de una especie

Se utilizará el dataset **Paramecium caudatum** incluido en el paquete de `gauseR`. Se trata de una especie protista unicelular en el phylum Ciliphora, esta especie es muy abundante en ambientes marinos, salobres y agua dulce. Gause ha crecido esta especie en un monocultivo, y la información se puede encontrar en el paquete `gauseR` bajo el nombre de `gause_1934_science_f02_03`. Este archivo contiene datos de ambas especies **Paramecium caudatum** y **Paramecium aurelia** en un monocultivo y mezclados.

```
library(gauseR)
require(gauseR)
library(ggplot2)

data("gause_1934_science_f02_03")
#Exploramos nuestros datos
View(gause_1934_science_f02_03)
summary(gause_1934_science_f02_03)
```

Visualizando los datos de monocultivo

##	Paper	Figure	Day	Species1
##	gause_1934_science:63	2-3:63	Min. : 2.00	Paramecium caudatum:63
##			1st Qu.: 7.00	
##			Median :12.00	
##			Mean :12.29	
##			3rd Qu.:17.50	
##			Max. :24.00	
##	Volume_Species1		Species2	Volume_Species2
##	Min. : 0.00	Paramecium aurelia:63	Min. : 0.00	Mixture:23
##	1st Qu.: 0.00		1st Qu.: 0.00	Pa :17
##	Median : 48.79		Median : 63.21	Pc :23
##	Mean : 75.61		Mean : 77.33	
##	3rd Qu.:150.33		3rd Qu.:137.74	
##	Max. :222.35		Max. :238.68	

```

Paramecium_caudatum <- gause_1934_science_f02_03[gause_1934_science_f02_03$Treatment == "Pc",] #Creamos

View(Paramecium_caudatum) #Checamos dataset, debería contener sólo datos de Paramecium caudatum.
names(Paramecium_caudatum) #Contiene columnas "Day" y "Volume_Species1"

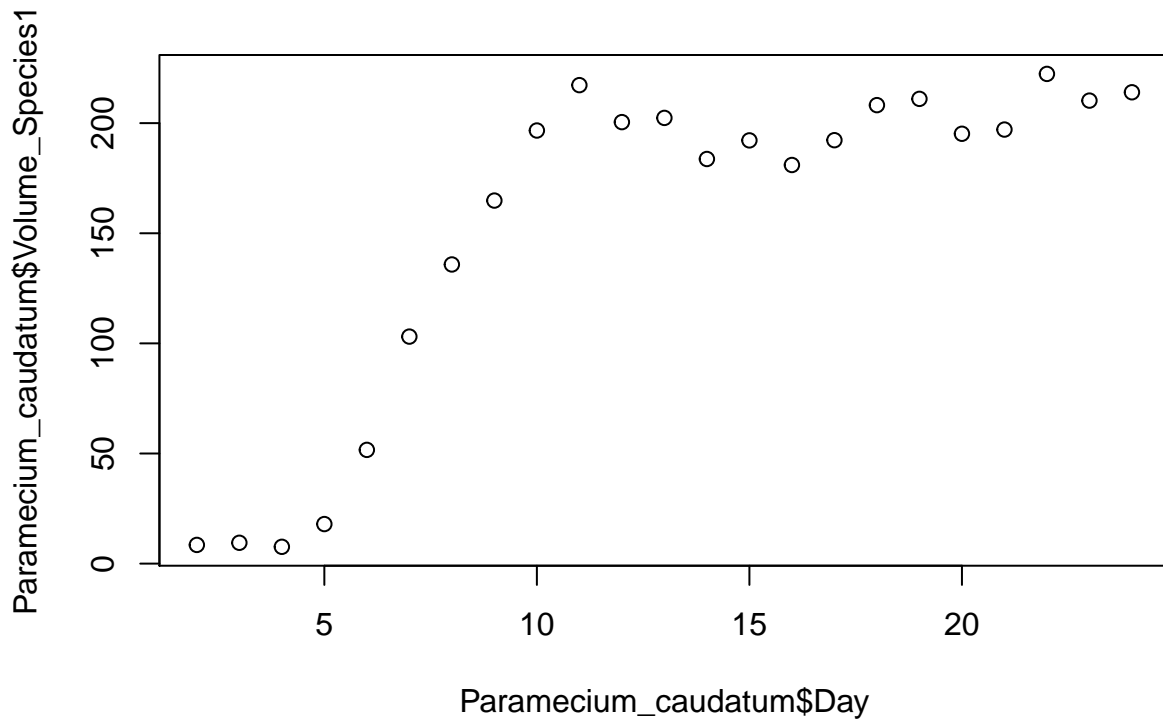
## [1] "Paper"          "Figure"          "Day"             "Species1"
## [5] "Volume_Species1" "Species2"         "Volume_Species2" "Treatment"

#Graficamos las columnas, volumen... (y) vs Day(x)
class(Paramecium_caudatum)

## [1] "data.frame"

plot(Paramecium_caudatum$Volume_Species1~Paramecium_caudatum$Day) #Graficamos sin ggplot2

```

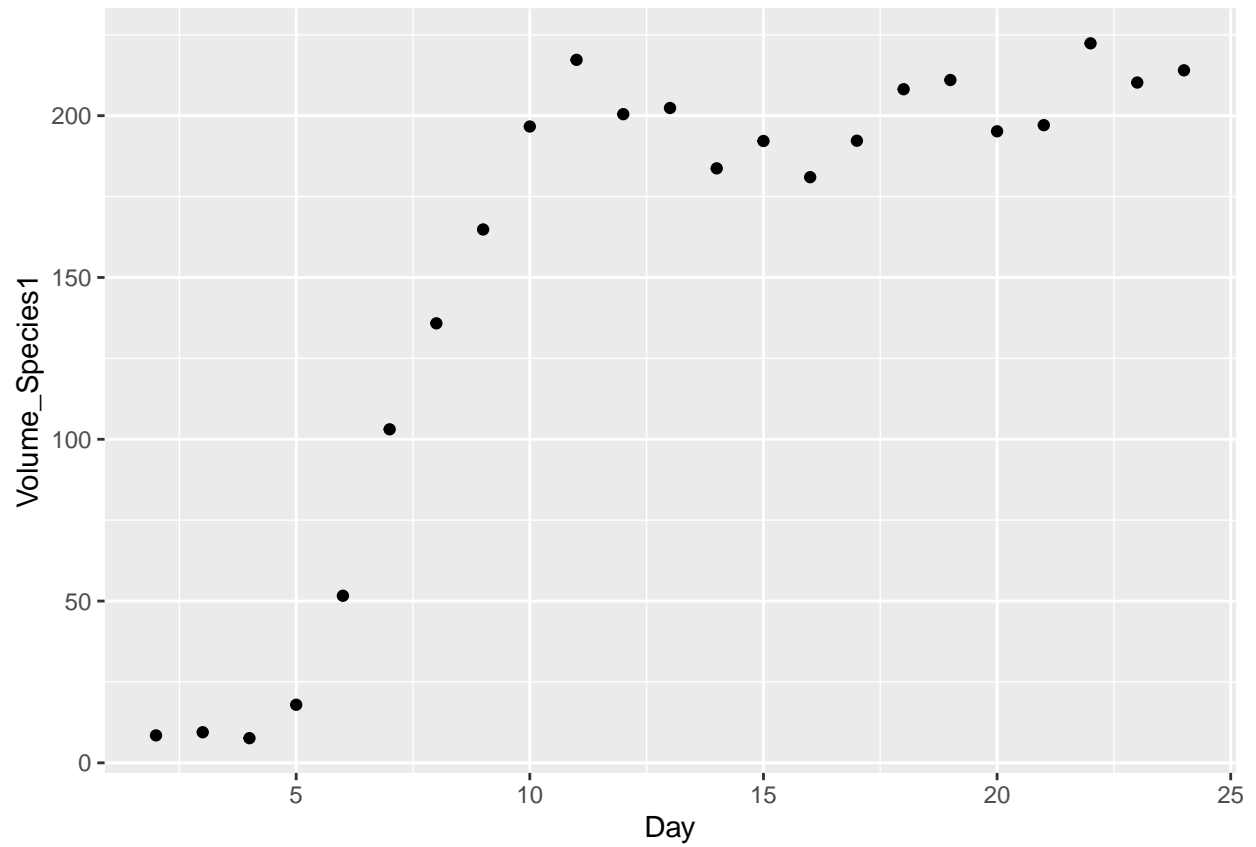


```

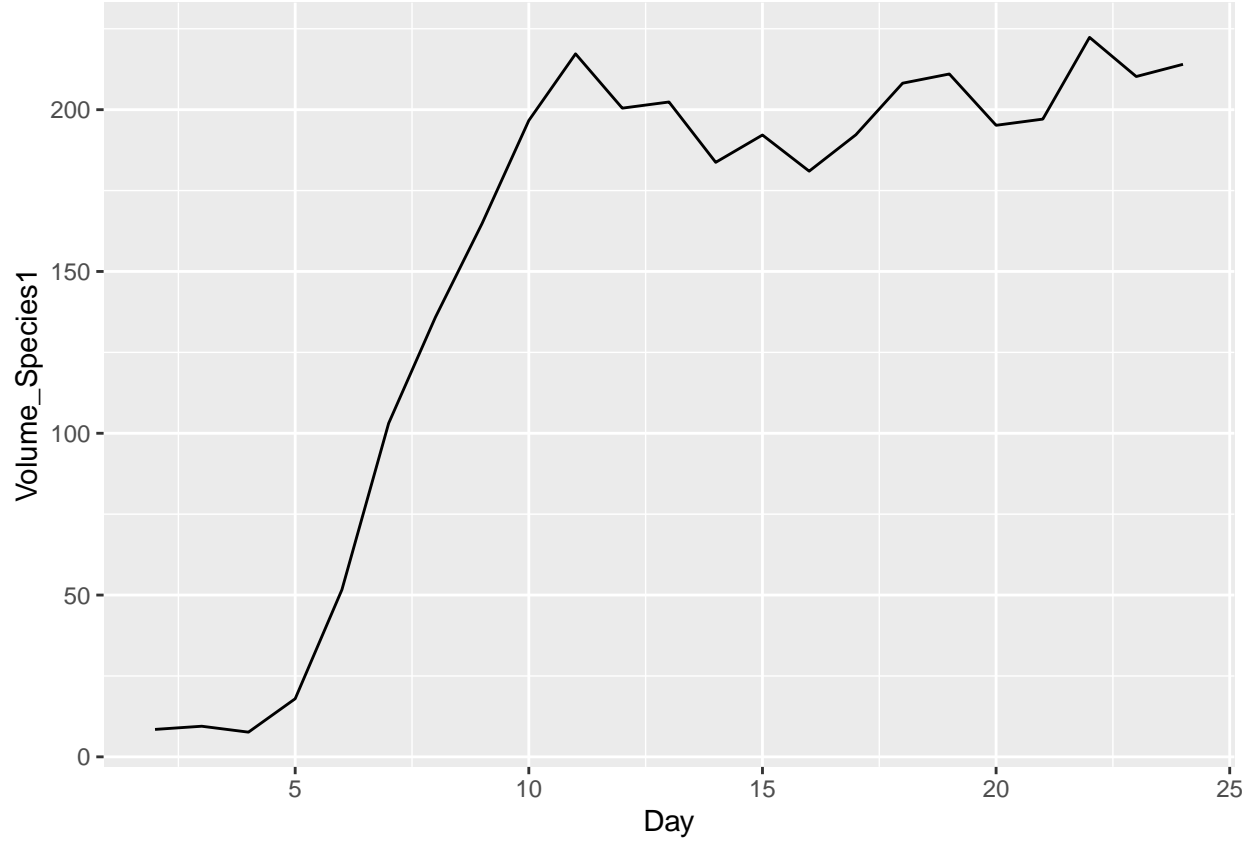
#Para visualizar mejor los datos se utilizará ggplot2.

ggplot(Paramecium_caudatum, aes(Day, Volume_Species1))+
  geom_point() #graficamos con puntos por medio de ggplot2

```



```
ggplot(Paramecium-caudatum, aes(Day, Volume_Species1))+  
  geom_path() #graficamos con linea para ver mejor la tendencia de los datos
```



se puede observar que los datos presentan un crecimiento logístico. Considerando la ecuación siguiente:

$$\frac{dN}{dt} = rN\left(1 - \frac{N}{K}\right) = N(r - sN)$$

Donde  $r$  es la tasa de crecimiento intrínseca (la tasa neta en la cual los nuevos individuos son introducidos a la población cuando la población está esparcida desvanecidamente),  $s$  es la dependencia del porcentaje de densidad (el cual refleja como el tamaño de la población afecta la tasa en general), y  $K = r/s$  es la capacidad de carga (máximo tamaño de población) (Lehman **et al.**, 2019).

Taza de crecimiento per-cápita:

$$\frac{dN}{Ndt} = (r - sN)$$

(4)

El lado derecho de la ecuación es una simple ecuación lineal, esto supone una ventaja cuando se analizan datos empíricos, ya que los parámetros se pueden estimar por medio de una regresión ordinaria de mínimos cuadrados de las tasas de crecimiento contra la abundancia de las especies. Por lo tanto, si calculamos la tasa de crecimiento per-cápita usando los datos, podemos encontrar una regresión lineal que se ajuste a esos datos. Para encontrar los datos sobre el crecimiento per-cápita, usaremos las ecuaciones diferenciales:

$$dN = N_i - N_{i-1}$$

y:

$$dt = t_i - t_{i-1}$$

Si ajustamos una regresión lineal a los datos, ¿Qué representará el intercepto en y? ¿Cómo encontrarás el parámetro  $s$  usando las propiedades de la línea? ¿Qué representará el intercepto en x?

*Todos los cálculos se pueden realizar en R*

**Cálculando la tasa de crecimiento per-cápita (dN/dt)** Se usaron las diferencias retardadas y se graficaron las contra la abundancia de N.

*¿Qué son las diferencias retardadas?*

```
#Calculando abundancia retardada en tiempo usando el comando get_lag de gauseR
?get_lag

lagged_data <- get_lag(x = Paramecium_caudatum$Volume_Species1, time = Paramecium_caudatum$Day)

# Visualizamos los datos
summary(lagged_data)
```

```
##           x           laggedx           xmid           dt
## Min.      : 7.633   Min.      : 7.633   Min.      : 8.548   Min.      :1
## 1st Qu.:119.452   1st Qu.:111.266   1st Qu.:127.172   1st Qu.:1
## Median :192.254   Median :192.213   Median :190.496   Median :1
## Mean    :153.168   Mean    :150.402   Mean    :155.073   Mean    :1
## 3rd Qu.:205.275   3rd Qu.:201.896   3rd Qu.:205.989   3rd Qu.:1
## Max.    :222.350   Max.    :222.350   Max.    :216.294   Max.    :1
##          NA's      :1          NA's      :1          NA's      :1
##           time       laggedtime       treatment
## Min.      : 3.00   Min.      : 2.00   Min.      :1
## 1st Qu.: 8.25   1st Qu.: 7.25   1st Qu.:1
## Median :13.50   Median :12.50   Median :1
## Mean    :13.50   Mean    :12.50   Mean    :1
## 3rd Qu.:18.75   3rd Qu.:17.75   3rd Qu.:1
## Max.    :24.00   Max.    :23.00   Max.    :1
## NA's      :1     NA's      :1
```

lagged\_data

```
##           x       laggedx           xmid dt time laggedtime treatment
## 1    8.486438         NA         NA NA   NA         NA         1
## 2    9.463023    8.486438    8.974730 1    3         2         1
## 3    7.633013    9.463023    8.548018 1    4         3         1
## 4   17.956706    7.633013   12.794859 1    5         4         1
## 5   51.637301   17.956706   34.797004 1    6         5         1
## 6  103.078996   51.637301   77.358149 1    7         6         1
## 7  135.825026  103.078996  119.452011 1    8         7         1
## 8  164.837139  135.825026  150.331083 1    9         8         1
## 9  196.652950  164.837139  180.745045 1   10         9         1
## 10 217.252521  196.652950  206.952736 1   11        10         1
## 11 200.466558  217.252521  208.859540 1   12        11         1
## 12 202.371914  200.466558  201.419236 1   13        12         1
## 13 183.721166  202.371914  193.046540 1   14        13         1
## 14 192.171380  183.721166  187.946273 1   15        14         1
## 15 180.994262  192.171380  186.582821 1   16        15         1
## 16 192.253970  180.994262  186.624116 1   17        16         1
## 17 208.177814  192.253970  200.215892 1   18        17         1
## 18 211.022082  208.177814  209.599948 1   19        18         1
```

```
## 19 195.172134 211.022082 203.097108 1 20 19 1
## 20 197.078938 195.172134 196.125536 1 21 20 1
## 21 222.349890 197.078938 209.714414 1 22 21 1
## 22 210.238206 222.349890 216.294048 1 23 22 1
## 23 214.017040 210.238206 212.127623 1 24 23 1

# Calculamos el crecimiento per cápita (dNNdt) y lo guardamos en una columna en el archivo de los datos.

Paramecium_caudatum$dNNdt <- percap_growth(x = lagged_data$x, laggedx = lagged_data$laggedx, dt = lagged_data$dt)

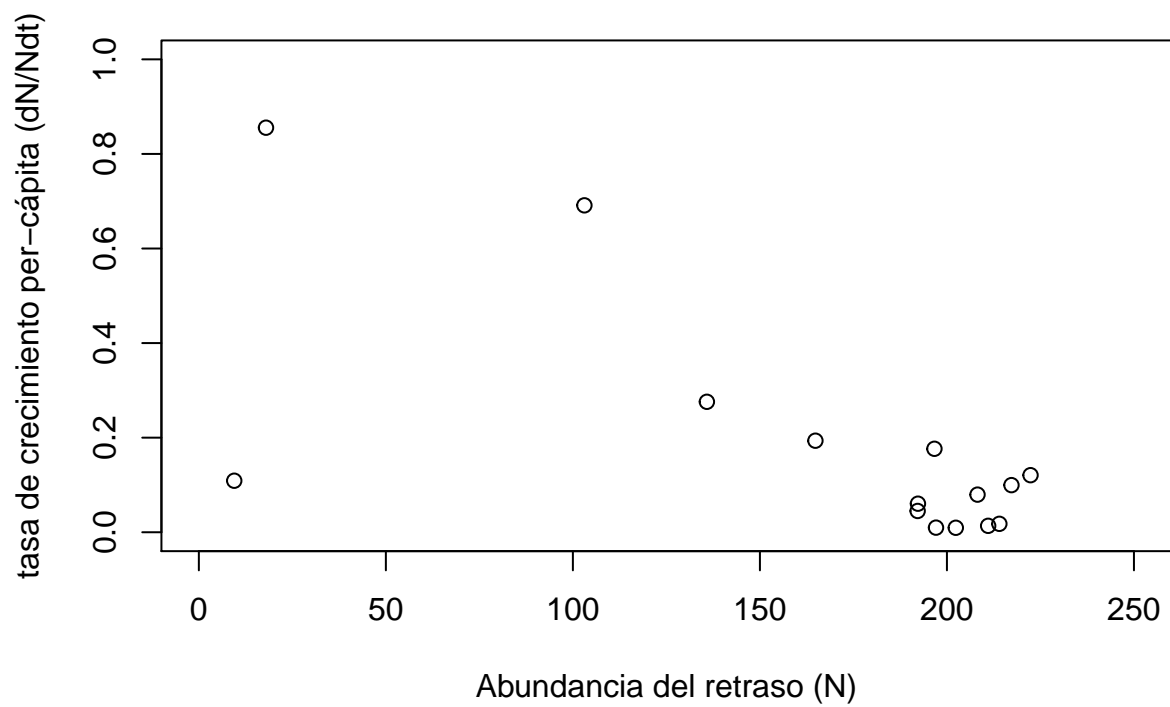
# Visualizamos

head(Paramecium_caudatum) # Va está la nueva columna dNNdt

##          Paper Figure Day          Species1 Volume_Species1
## 1 gauge_1934_science  2-3    2 Paramecium caudatum      8.486438
## 2 gauge_1934_science  2-3    3 Paramecium caudatum      9.463023
## 3 gauge_1934_science  2-3    4 Paramecium caudatum      7.633013
## 4 gauge_1934_science  2-3    5 Paramecium caudatum     17.956706
## 5 gauge_1934_science  2-3    6 Paramecium caudatum     51.637301
## 6 gauge_1934_science  2-3    7 Paramecium caudatum    103.078996
##          Species2 Volume_Species2 Treatment      dNNdt
## 1 Paramecium aurelia           0      Pc      NA
## 2 Paramecium aurelia           0      Pc  0.1089225
## 3 Paramecium aurelia           0      Pc -0.2149093
## 4 Paramecium aurelia           0      Pc  0.8554810
## 5 Paramecium aurelia           0      Pc  1.0562807
## 6 Paramecium aurelia           0      Pc  0.6912513

# Graficamos la relación

plot(Paramecium_caudatum$dNNdt ~ Paramecium_caudatum$Volume_Species1, xlab = "Abundancia del retraso (N")
```

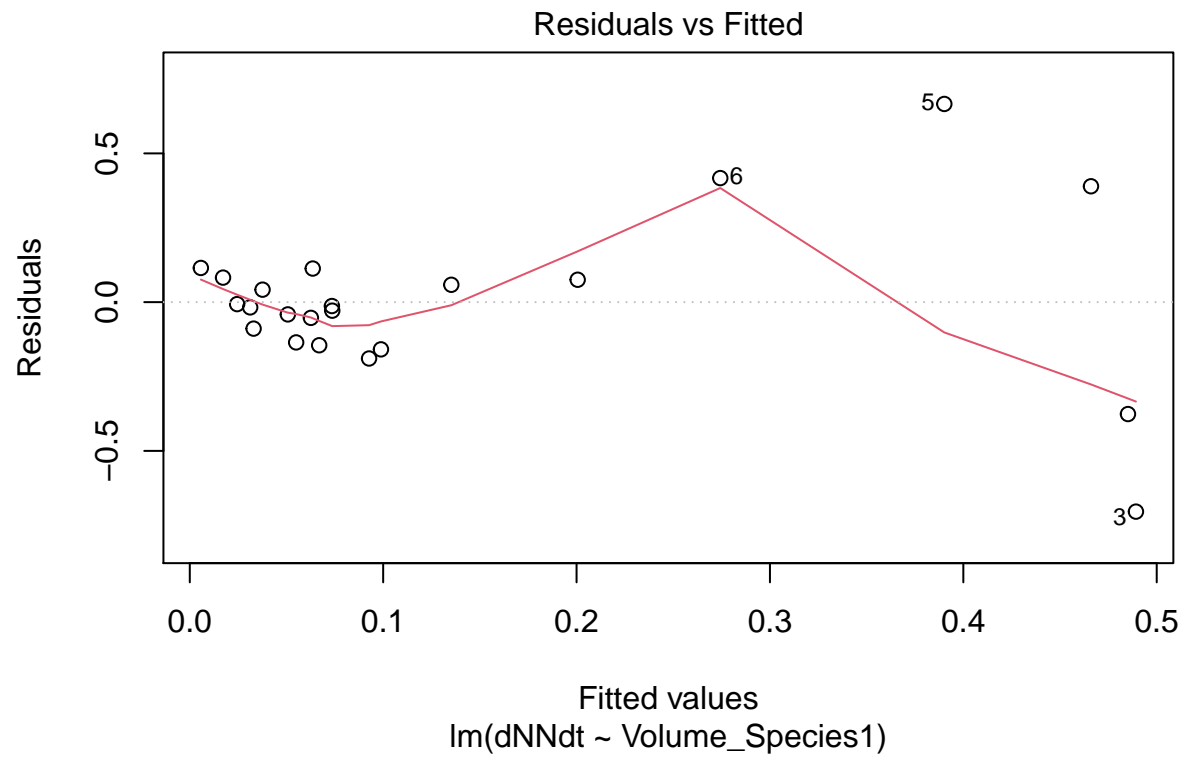


*#Encontramos una regresión lineal para los datos*

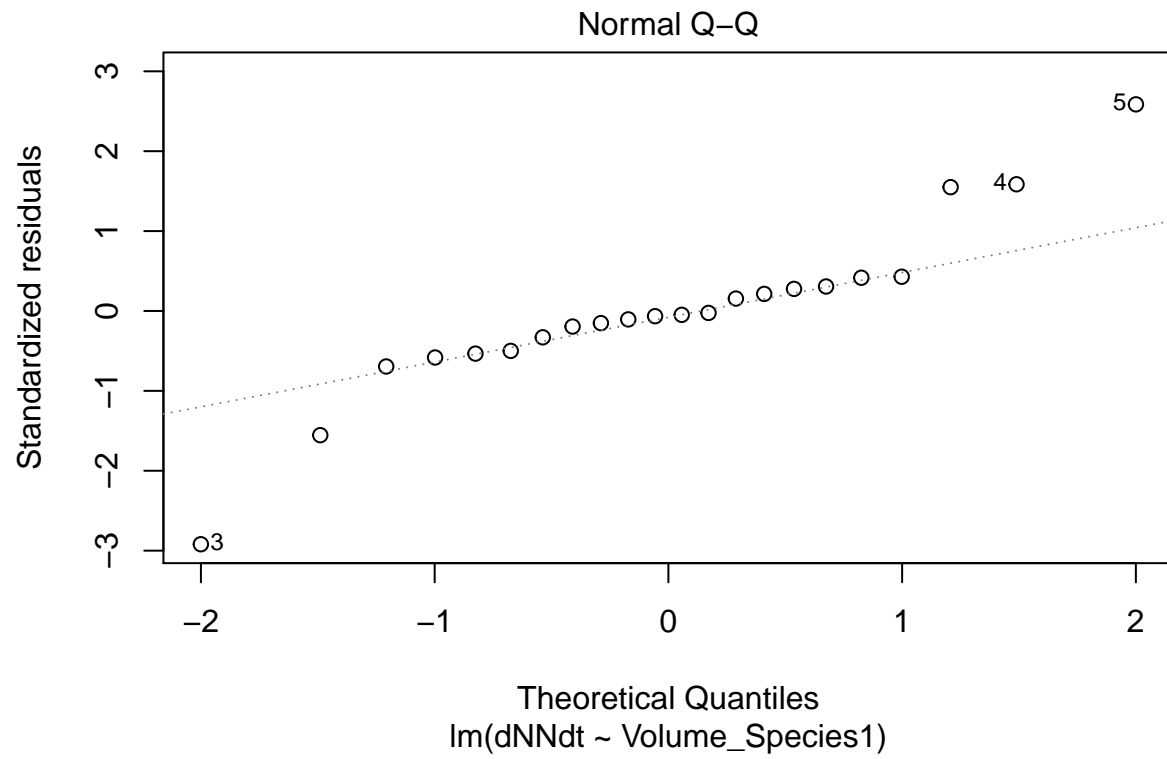
```
modelo_PC = lm(dNNdt~ Volume_Species1, data = Paramecium-caudatum)
```

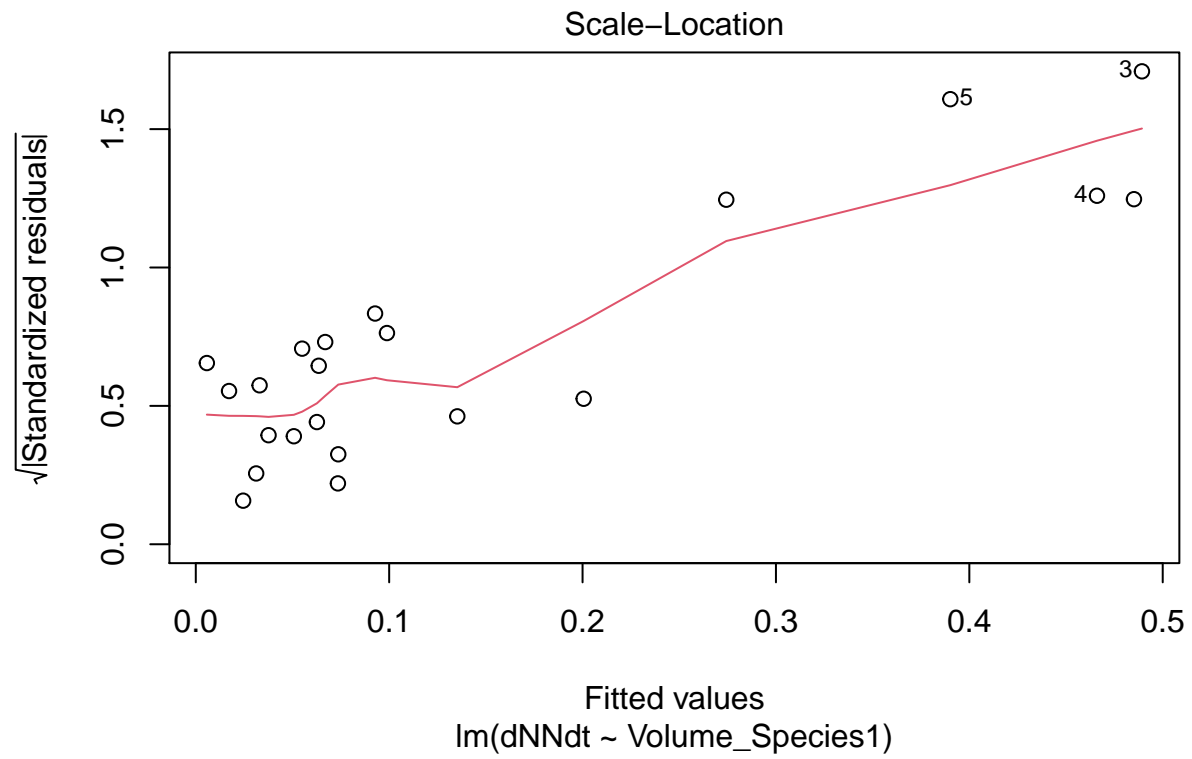
*#Graficamos el modelo como una línea roja*

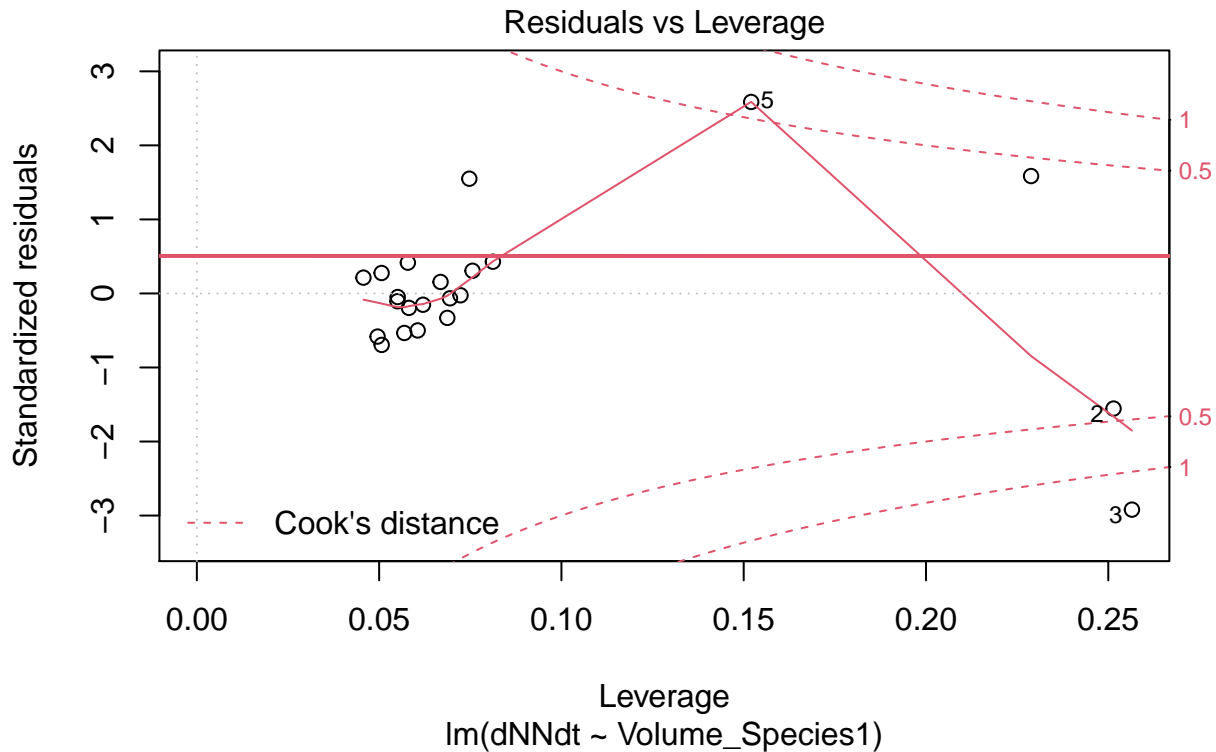
```
plot(modelo_PC)+abline(modelo_PC, lwd= 2, col = 2)
```











```
## integer(0)
```

```
parametros_rsn <- coef(modelo_PC)
```

**Extrayendo los parámetros  $r$  y  $s$  del modelo de la regresión lineal :** Ahora utilizaremos los parámetros extraídos empezando con los valores del ajuste no lineal de mínimos cuadrados (*nls*). Esta parte es generalmente no requerida ya que se pueden utilizar los parámetros obtenidos para graficar la función de crecimiento logístico, sin embargo, no contamos con valores para el volumen inicial. Para solucionar este problema, se podrían utilizar diferentes suposiciones para el valor del volumen inicial y elegir la que mejor se adapte al modelo. No usaremos ese método, optimizaremos el ajuste del modelo para obtener los valores del volumen inicial.

Los valores del volumen inicial no son requeridos para obtener una respuesta. Sin embargo se necesita ya que el comando *nls* utiliza el método de gradiente descendiente. Éste método, al ser un algoritmo de minimización, puede encontrar los mínimos locales pero no los mínimos globales deseados.

Identificamos la capacidad de carga con el comando `summary`. *¿Qué podemos decir acerca del comportamiento de las especies de largo plazo?*

```
summary(Paramecium_caudatum)
```

```
##          Paper    Figure    Day          Species1
##  gauge_1934_science:23  2-3:23  Min.   : 2.0  Paramecium caudatum:23
##                               1st Qu.: 7.5
##                               Median :13.0
##                               Mean   :13.0
##                               3rd Qu.:18.5
```

```
##                               Max.      :24.0
##
## Volume_Species1              Species2 Volume_Species2 Treatment
## Min.      : 7.633   Paramecium aurelia:23   Min.      :0      Mixture: 0
## 1st Qu.:119.452              1st Qu.:0      Pa      : 0
## Median :192.254              Median :0      Pc      :23
## Mean      :153.168              Mean      :0
## 3rd Qu.:205.275              3rd Qu.:0
## Max.      :222.350              Max.      :0
##
##      dNNdt
## Min.      : -0.21491
## 1st Qu.: -0.03964
## Median : 0.05266
## Mean      : 0.14671
## 3rd Qu.: 0.16252
## Max.      : 1.05628
## NA's      :1
# Transformamos los parámetros a una escala logística
par_logist <- c(r = unname(parametros_rsn["(Intercept)"]),
               K=unname(-parametros_rsn["(Intercept)"]/parametros_rsn["Volume_Species1"]))
```

Ajustando con el comando nls:

```
modelo_nls <- nls(Volume_Species1 ~ get_logistic(time = Day, NO, r, K),
                  data = Paramecium_caudatum,
                  start = c(NO = unname(Paramecium_caudatum$Volume_Species1[which.min(Paramecium_caudatum$Volume_Species1)]),
                             r = 0.1, K = 200))

summary(modelo_nls)
```

```
##
## Formula: Volume_Species1 ~ get_logistic(time = Day, NO, r, K)
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## NO    0.2182    0.1820   1.199   0.244
## r     0.9593    0.1169   8.209 7.81e-08 ***
## K    202.3046    3.0331  66.698 < 2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 11.17 on 20 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 11
## Achieved convergence tolerance: 1.391e-06
```

### Graficando resultados

```
#Graficamos los resultados

plot(Volume_Species1 ~ Day, data = Paramecium_caudatum, type = "b", ylab = "P.caudatum Volume")

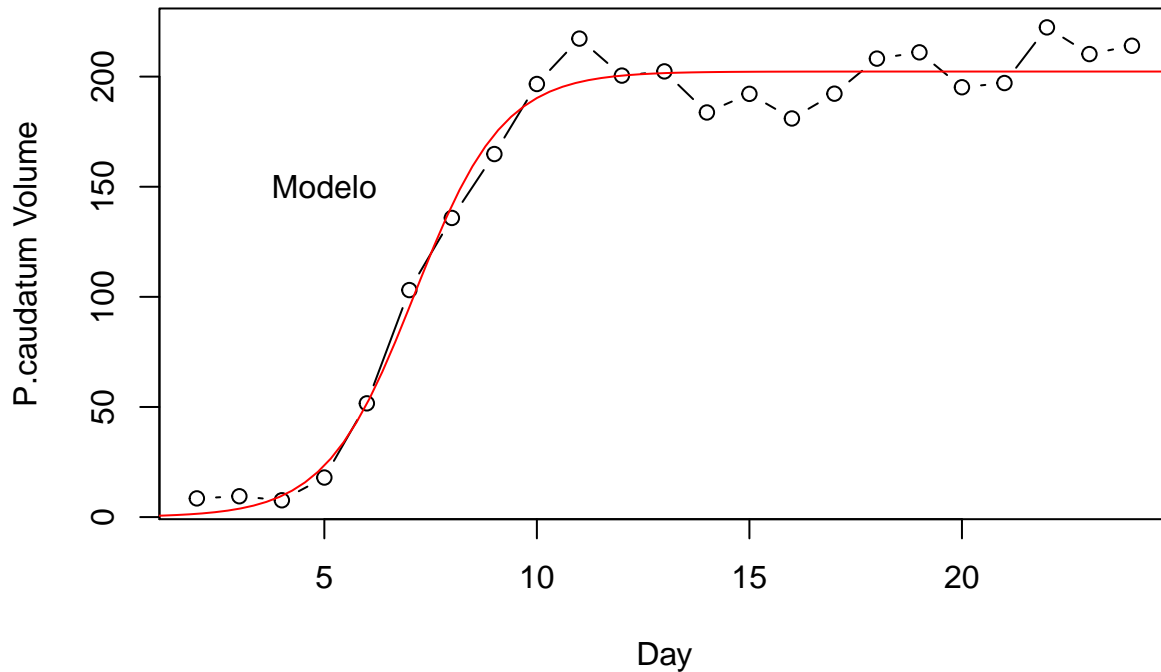
time_seq = seq(0,30,length = 100)
Ntest = get_logistic(time = time_seq, NO=coef(modelo_nls)["NO"],r=coef(modelo_nls)["r"],
```

```

K=coef(modelo_nls)["K"]

#Graficamos el modelo como una línea roja
plot(Volume_Species1 ~ Day, data = Paramecium_caudatum, type = "b", ylab = "P.caudatum Volume")+
lines(time_seq, Ntest, col="red")+ text(5, 150, "Modelo")

```



```
## integer(0)
```

Ahora probaremos que tan bueno es nuestro modelo con el valor `r` utilizando la función `test_goodnes_of_fit` del paquete `gauserR`. En donde valores en o debajo del 0 significan un mal ajuste.

```
#Creamos unsmuestra de nuestro modelo. Una pequeña predicción.
```

```

model_test <- get_logistic(time = Paramecium_caudatum$Day, NO=coef(modelo_nls)["NO"], r = coef(modelo_nls)["r"])
goodnesModelFit <- test_goodness_of_fit(observed = Paramecium_caudatum$Volume_Species1, predicted = model_test$predicted)
goodnesModelFit #Encontramos que su valor es de 0.9810307

```

```
## [1] 0.9810307
```

El valor `R` de mínimos cuadrados es mayor a 0. Muy cercano a 1 indicando un ajuste bastante bueno.

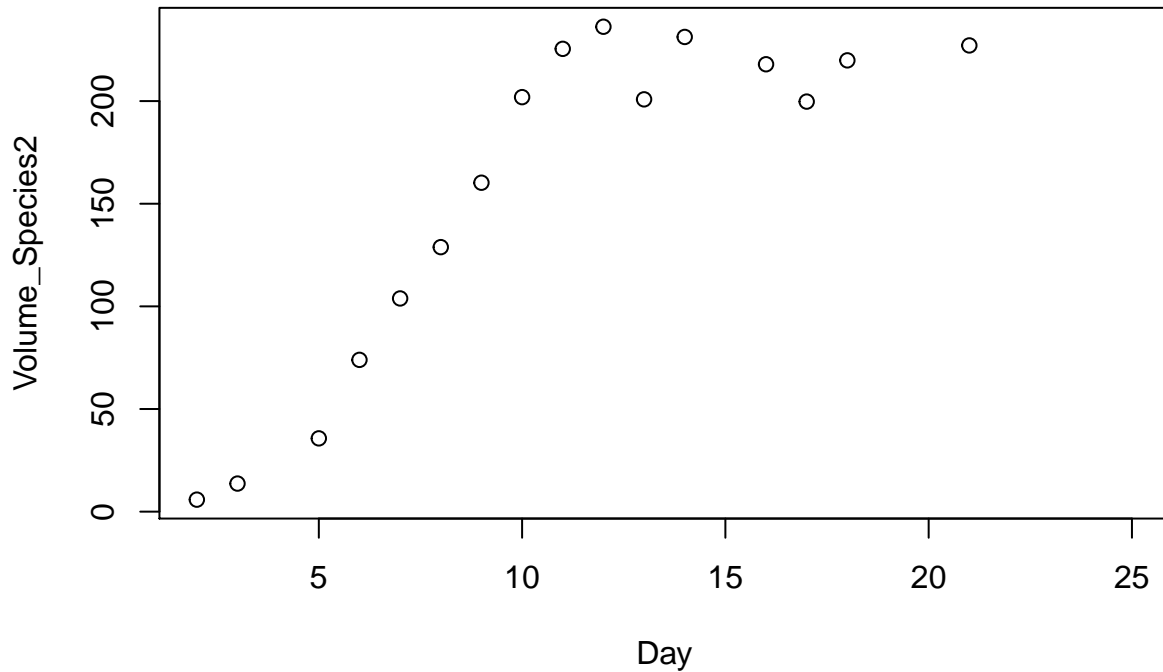
**Análisis de *Paramecium aurelia* crecidas en monocultivo.**

```

#Paramecium aurelia es la especie 2. Entonces no necesitamos volver a cargar los datos.
View(Paramecium_caudatum)

```

```
Paramecium_Aurelia <- gause_1934_book_f22[gause_1934_book_f22$Treatment == "Pa",]
plot(Volume_Species2 ~ Day, data = Paramecium_Aurelia)
```



```
# Le damos un vistazo a los datos.
Paramecium_Aurelia
```

##	Paper	Figure	Day	Species1	Volume_Species1
## 25	gause_book_1934_f22	22	2	Paramecium caudatum	NA
## 26	gause_book_1934_f22	22	3	Paramecium caudatum	NA
## 27	gause_book_1934_f22	22	4	Paramecium caudatum	NA
## 28	gause_book_1934_f22	22	5	Paramecium caudatum	NA
## 29	gause_book_1934_f22	22	6	Paramecium caudatum	NA
## 30	gause_book_1934_f22	22	7	Paramecium caudatum	NA
## 31	gause_book_1934_f22	22	8	Paramecium caudatum	NA
## 32	gause_book_1934_f22	22	9	Paramecium caudatum	NA
## 33	gause_book_1934_f22	22	10	Paramecium caudatum	NA
## 34	gause_book_1934_f22	22	11	Paramecium caudatum	NA
## 35	gause_book_1934_f22	22	12	Paramecium caudatum	NA
## 36	gause_book_1934_f22	22	13	Paramecium caudatum	NA
## 37	gause_book_1934_f22	22	14	Paramecium caudatum	NA
## 38	gause_book_1934_f22	22	15	Paramecium caudatum	NA
## 39	gause_book_1934_f22	22	16	Paramecium caudatum	NA
## 40	gause_book_1934_f22	22	17	Paramecium caudatum	NA
## 41	gause_book_1934_f22	22	18	Paramecium caudatum	NA
## 42	gause_book_1934_f22	22	19	Paramecium caudatum	NA
## 43	gause_book_1934_f22	22	20	Paramecium caudatum	NA

```
## 44 gause_book_1934_f22      22  21 Paramecium caudatum      NA
## 45 gause_book_1934_f22      22  22 Paramecium caudatum      NA
## 46 gause_book_1934_f22      22  23 Paramecium caudatum      NA
## 47 gause_book_1934_f22      22  24 Paramecium caudatum      NA
## 48 gause_book_1934_f22      22  25 Paramecium caudatum      NA
##           Species2 Volume_Species2 Treatment
## 25 Paramecium aurelia         5.849284      Pa
## 26 Paramecium aurelia        13.672890      Pa
## 27 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 28 Paramecium aurelia        35.697880      Pa
## 29 Paramecium aurelia        73.947840      Pa
## 30 Paramecium aurelia       103.855191      Pa
## 31 Paramecium aurelia       128.856516      Pa
## 32 Paramecium aurelia       160.235618      Pa
## 33 Paramecium aurelia       201.922734      Pa
## 34 Paramecium aurelia       225.449428      Pa
## 35 Paramecium aurelia       236.217688      Pa
## 36 Paramecium aurelia       200.851323      Pa
## 37 Paramecium aurelia       231.250026      Pa
## 38 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 39 Paramecium aurelia       217.940909      Pa
## 40 Paramecium aurelia       199.753414      Pa
## 41 Paramecium aurelia       219.845256      Pa
## 42 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 43 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 44 Paramecium aurelia       227.117604      Pa
## 45 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 46 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 47 Paramecium aurelia             NA      Pa
## 48 Paramecium aurelia             NA      Pa
```

Tenemos que repetir todo el análisis, empezando con los datos retardados y la tasa de crecimiento per-cápita (dNNdt).

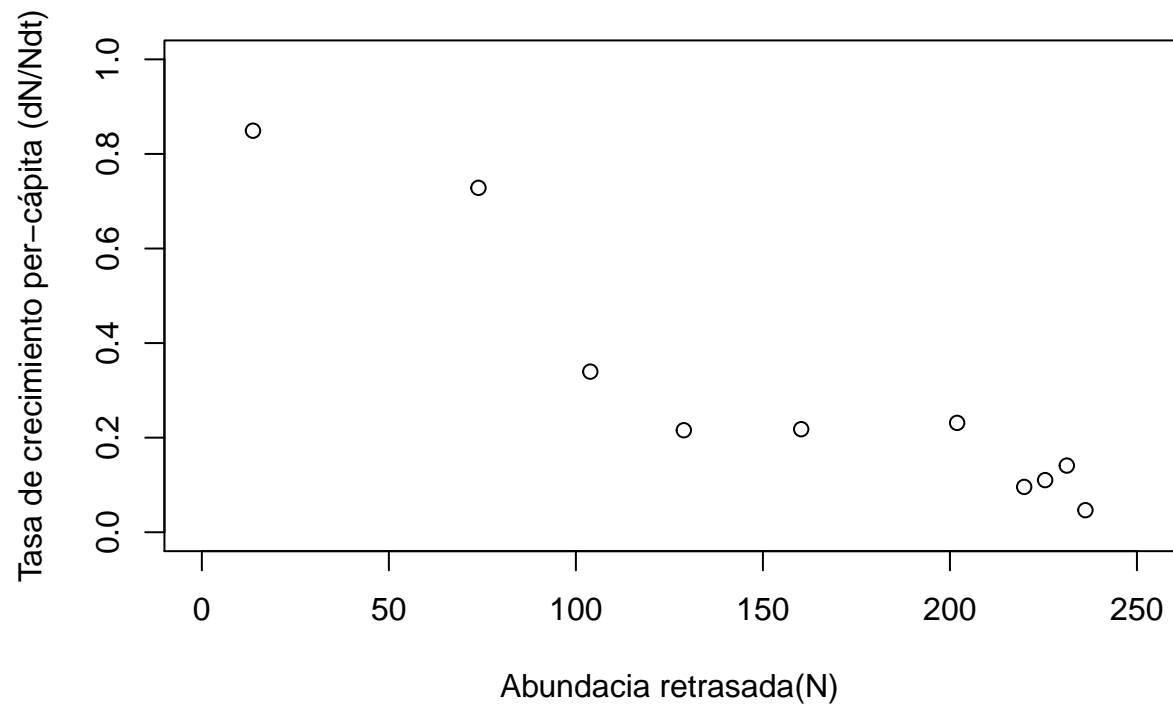
```
#Calculamos los datos retardados con el dataset de ParameciumAurelia
lagged_data_Pa <- get_lag(x = Paramecium_Aurelia$Volume_Species2, time = Paramecium_Aurelia$Day )

#Calculamos la tasa de crecimiento per-cápita dNNdt

Paramecium_Aurelia$dNNdt <- percap_growth(x=lagged_data_Pa$x, laggedx = lagged_data_Pa$laggedx, dt = lagged_data_Pa$Day)

#Graficamos la relación

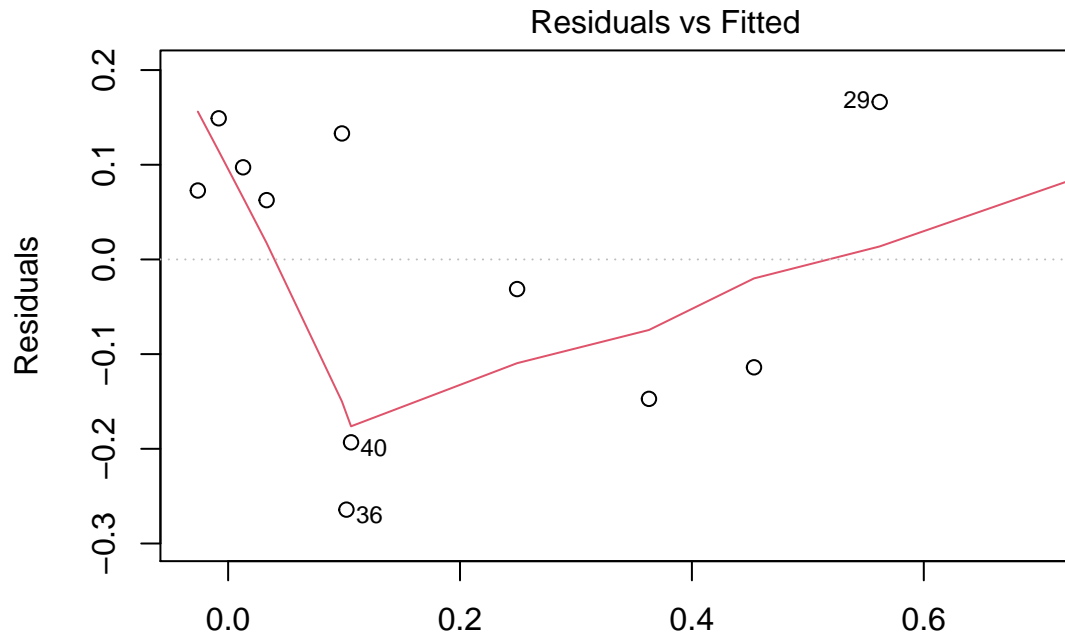
plot(Paramecium_Aurelia$dNNdt ~ Paramecium_Aurelia$Volume_Species2, xlab = "Abundancia retrasada(N)", ylab = "Tasa de crecimiento per-cápita (dNNdt)")
```



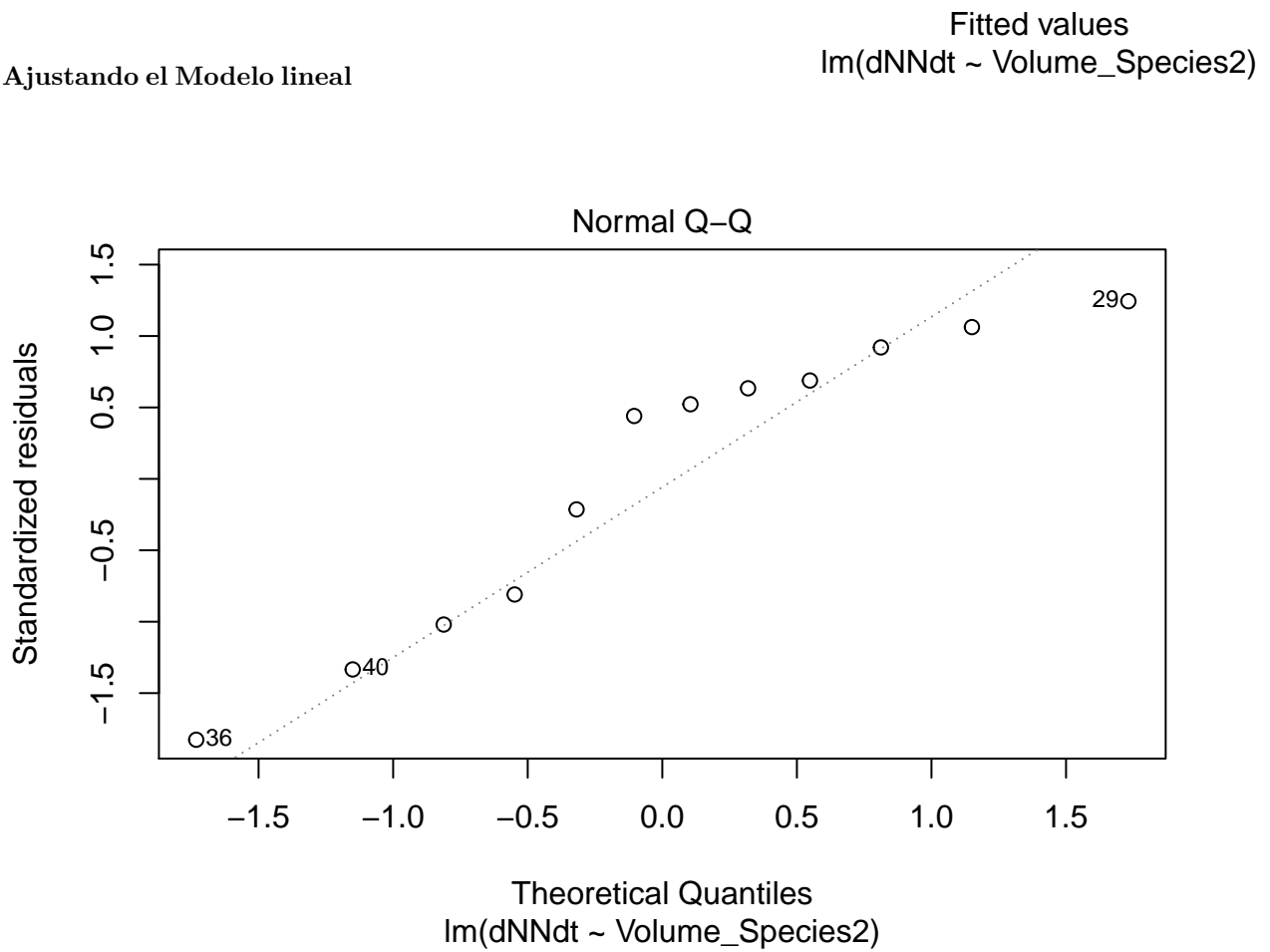
```
# Ajustamos el modelo a la relación para obtener  $dNNdt \sim r + s \cdot N$ 
modelo_Pa <- lm(dNNdt ~ Volume_Species2, data = Paramecium_Aurelia)

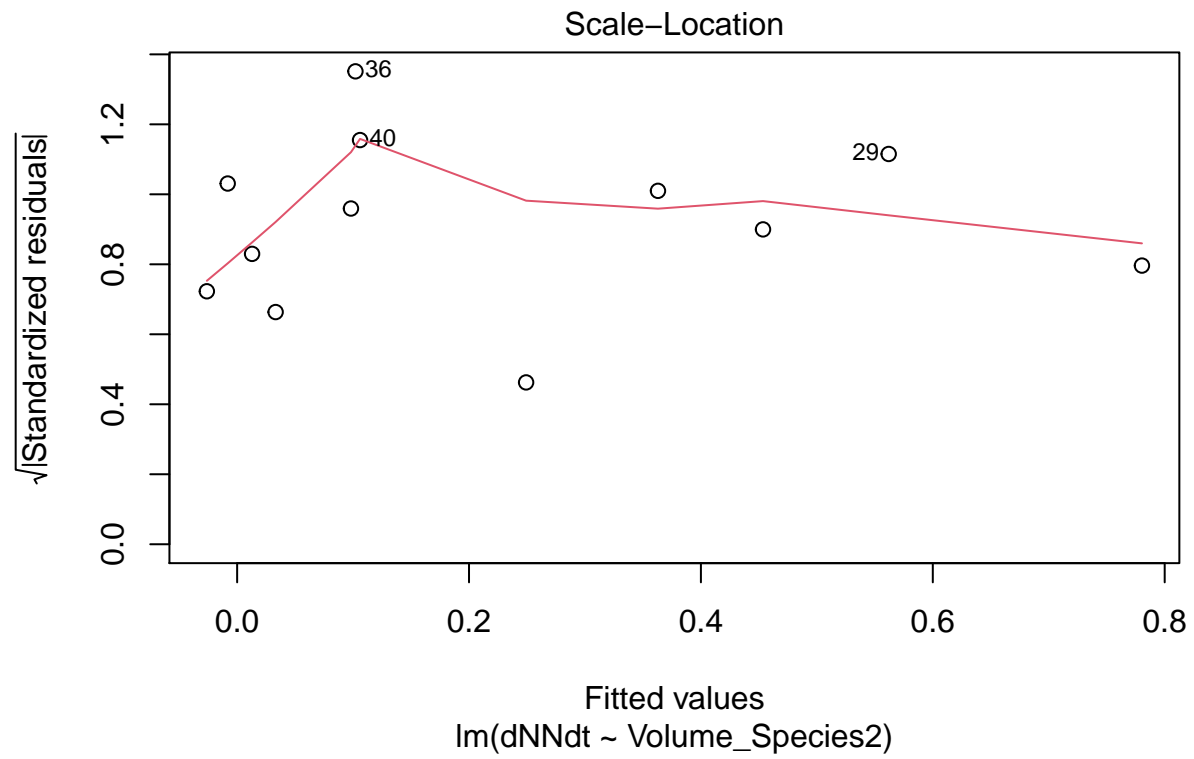
#Graficamos el modelo
plot(modelo_Pa)+abline(modelo_Pa, lwd= 2, col = 2)
```

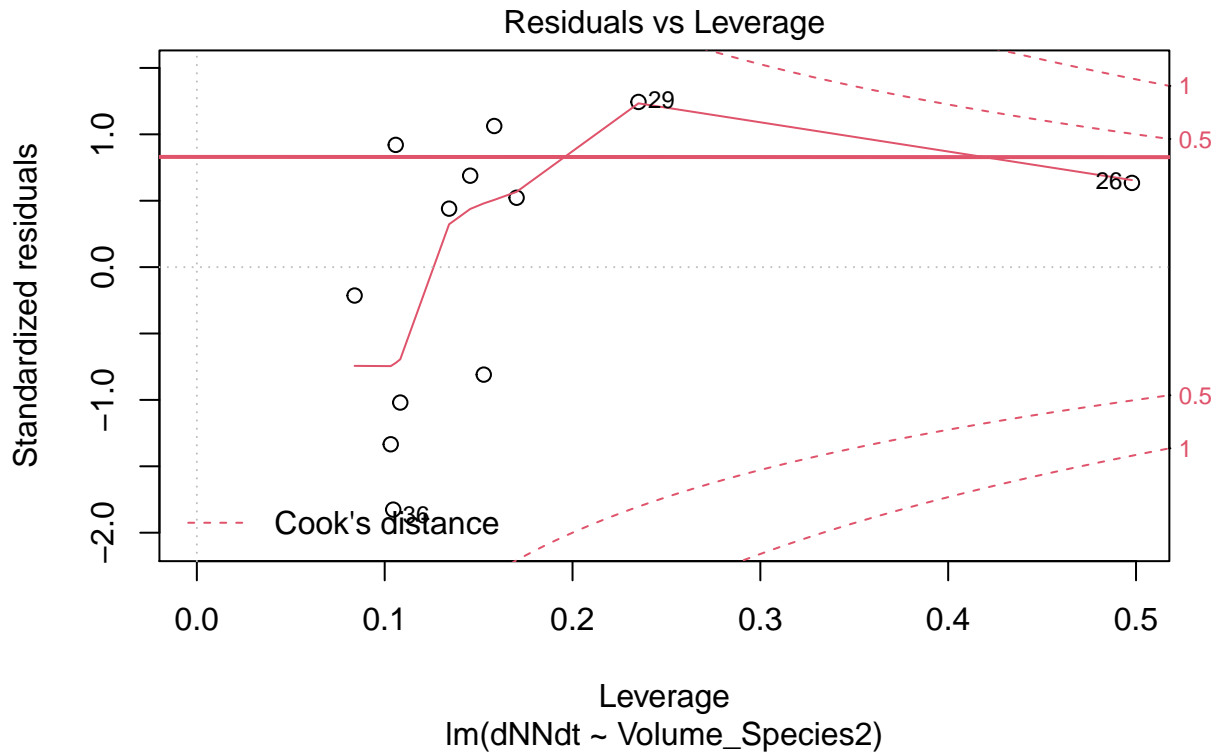




Ajustando el Modelo lineal







```
## integer(0)
```

```
# Extraemos los parámetros r y s
```

```
Pa_rsn <- coef(modelo_Pa)
```

**Parámetros r y s.** Usando los parámetros rsn como valores iniciales para la función de ajuste de mínimos cuadrados no lineal (nls).

```
summary(Paramecium_Aurelia) #Obtener la capacidad de carga K
```

```
##          Paper      Figure      Day      Species1
##  gauge_book_1934_f22:24  Min.   :22  Min.   : 2.00  Paramecium caudatum:24
##                        1st Qu.:22  1st Qu.: 7.75
##                        Median :22  Median :13.50
##                        Mean   :22  Mean   :13.50
##                        3rd Qu.:22  3rd Qu.:19.25
##                        Max.   :22  Max.   :25.00
##
##  Volume_Species1      Species2  Volume_Species2  Treatment
##  Min.   : NA      Paramecium aurelia:24  Min.   : 5.849  Mixture: 0
##  1st Qu.: NA                        1st Qu.: 96.378  Pa      :24
##  Median : NA                        Median :200.302  Pc      : 0
##  Mean   :NaN                        Mean   :155.154
##  3rd Qu.: NA                        3rd Qu.:221.246
##  Max.   : NA                        Max.   :236.218
```

```

## NA's :24 NA's :8
## dNNdt
## Min. :-0.16219
## 1st Qu.: 0.08354
## Median : 0.17832
## Mean : 0.22718
## 3rd Qu.: 0.25834
## Max. : 0.84910
## NA's :12

Pa_logistitPar <- c(r = unname(Pa_rsn["(Intercept)"]),
                  K=unname(-Pa_rsn["(Intercept)"]/Pa_rsn["Volume_Species1"])) #Pares logísticos de Parace

#Creando el modelo nls

Pa_modelo_nls <- nls(Volume_Species2 ~ get_logistic(time = Day, NO, r,K),
                    data = Paramecium_Aurelia,
                    start = c(NO = unname(Paramecium_Aurelia$Volume_Species2[which.min(Paramecium_Aurelia$Volume_Species2)]),
                              r = 0.2, K = 0.8))

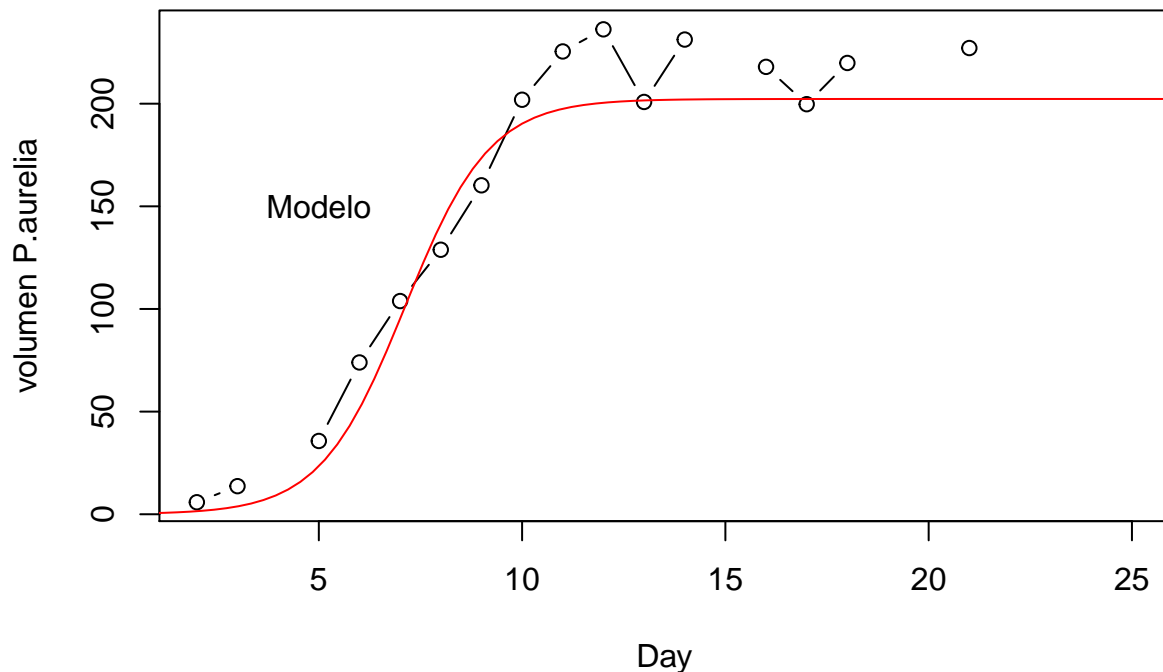
summary(Pa_modelo_nls) #Checamos el modelo nls

##
## Formula: Volume_Species2 ~ get_logistic(time = Day, NO, r, K)
##
## Parameters:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## NO    1.30870    0.85195   1.536   0.148
## r      0.70747    0.09028   7.836 2.8e-06 ***
## K    222.36414    5.22413  42.565 2.4e-15 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 12.92 on 13 degrees of freedom
##
## Number of iterations to convergence: 10
## Achieved convergence tolerance: 6.907e-06
## (8 observations deleted due to missingness)

#Graficamos

plot(Volume_Species2 ~ Day, data = Paramecium_Aurelia, type = "b", ylab = "volumen P.aurelia")+
lines(time_seq, Ntest, col="red")+ text(5, 150, "Modelo")

```



```
## integer(0)
```

**Eficacia del modelo para *Paramecium Aurelia*** Con mirar la grafica ya nos damos una idea de que tan bueno es el modelo. Desde aquí ya es evidente que este modelo para la *Paramecium aurelius* es menor al que optuvimos anteriormente para la especie *Paramecium caudatum*. Aún así sacamos el valor R de los mínimos cuadrados.

```
#Sacamos la muestra del modelo
```

```
Pa_modelTest <- get_logistic(time = Paramecium_Aurelia$Day, N0=coef(Pa_modelo_nls)["N0"], r = coef(Pa_modelo_nls)["r"])
```

```
Pa_goodnes_fit <- test_goodness_of_fit(observed = Paramecium_Aurelia$Volume_Species2, predicted = Pa_modelTest$predicted)
```

```
Pa_goodnes_fit #Su valor es de 0.9789978
```

```
## [1] 0.9789978
```

```
goodnesModelFit #Encontramos que su valor es de 0.9810307 0.9789978
```

Confirmando nuestras sospechas, el valor de R que nos dió el modelo de *Paramecium Aurelia* es menor al de *Paramecium Caudatum*. Sin embargo esta diferencia es mínima, difiere por menos de 0.01. Sigue siendo un muy buen modelo.

## Parte II : Dos especies predador - presa

Ahora estudiaremos las interacciones de dos especies *Paramecium aurelia* como la presa y *Didinium nasutum* como su predador cuando son cultivadas en mezcla. Contenidos en el archivo **gause\_1934\_book\_f32**.

Cuando las especies no se auto limitan. El modelo Lotka-Volterra muestra unas oscilaciones neutralmente estables, esto quiere decir que tienen una amplitud y frecuencia estables. Por otro lado si alguna o ambas especies se auto limitan, se presenta una disminución en periodo y amplitud hasta que llegan a un nivel estable, en otras palabras, es amortiguado. (Lehman *et al.* 2019).

Queremos ajustar el modelo Lotka-Volterra a los datos obtenidos. Si graficamos los datos, podemos observar que el crecimiento de ambas especies es limitado, por lo tanto, utilizaremos el modelo generalizado de Lotka-Volterra en donde ambas especies presentan un crecimiento logístico en ausencia de predadores. siguiendo las siguientes ecuaciones:

$$\frac{dN}{dt} = N(r + aN) + bNP, \quad (5) \quad \frac{dP}{dt} = P(e + cP) + dNP, \quad (6)$$

En donde parametros  $r, a, b, c, d$  y  $e$  pueden ser negativos o positivos. Para una especie, se el parámetro  $s$  en (1) es negativo la población alcanza una capacidad de carga. Lo mismo puede ser observado en los sistemas (5)-(6) cuando los parámetros  $b$  y  $d$  son ambos negativos, una o ambas especies alcanzan una capacidad de carga en la cual la población se mantiene constante, o constante de acuerdo con lo que las condiciones externas lo permitan. en este caso las especies están en competencia. Lo contrario a competencia sería mutualismo, en donde cada especie ayuda o ignora al crecimiento de la otra. si se presentara esto en nuestro caso predador-presa. Ambos  $b$  y  $d$  serían positivos. El último caso que se podría presentar sería que un parámetro de interacción es positivo ( $d$ ) (la especie presa aumenta el crecimiento de la especie predadora) y el otro es negativo ( $b$ ) (especie predadora inhibe el crecimiento de la presa)(Lehman *et al.* 2019).

Usando