专题四: 微分方程模型

目录

1 Lo	1 Logistic 种群增长模型2			
	1.1 模型原理与建模过程	2		
	1.2 Logistic 种群增长案例	3		
	1.3 Logistic 种群增长模型代码	3		
2 Lo	tka-Volterra 模型	4		
	2.1 模型原理与建模过程	4		
	2.2 Lotka-Volterra 模型案例	6		
	2.3Lotka-Volterra 模型代码	6		

1 Logistic 种群增长模型

1.1 模型原理与建模过程

(1) Logistic 增长模型的原理

Logistic 增长模型是一种**描述受限增长的数学模型**,常用于描述种群增长、疾病传播、市场饱和等现象。其核心思想是增长速率随资源限制逐渐减缓,最终趋于一个上限(称为"承载能力")

Logistic 增长模型的微分方程形式为: $\frac{dP}{dt} = rP(1 - \frac{P}{K})$

- ①P(t)是时间 t 时的种群规模(或其他变量); r 是初始增长率
- ②K 是承载能力(种群规模的上限)

解该微分方程,得到 Logistic 增长函数:
$$P(t) = \frac{K}{1 + \left(\frac{K - P_0}{P_0}\right)}e^{-rt}$$

其中: P_0 是初始种群规模

(2) Logistic 增长模型的适用情形

Logistic 增长模型适用于增长受限的情形,常见于:

- ①生物学: 种群增长(如细菌培养、动物种群)
- ②经济学: 市场饱和(如产品销量增长、技术扩散)
- ③医学:疾病传播(如 SIR 模型中的感染人数预测)
- **④社会学:** 信息传播(如社交网络中的话题热度)
- ⑤环境科学:资源消耗(如森林再生、渔业资源)
- (3) Logistic 增长模型的注意事项
- ①假设环境承载能力 K 恒定:

现实中 K 可能变化(如资源枯竭、技术进步), 需动态调整模型。

②初始阶段可能不符合指数增长:

若初始数据不呈现指数增长趋势(如线性增长),Logistic模型可能不适用。

③数据拟合需足够样本:

需要足够多的数据点(尤其是拐点附近),否则参数估计可能不准确。

④增长率r的影响:

r 过高可能导致模型过早饱和,过低则拟合效果差,需合理估计。

⑤外推预测需谨慎:

长期预测可能因环境变化(如政策干预、技术突破)失效。

⑥不适用于无限增长或突变过程:

若增长不受限(如某些技术创新),指数模型可能更合适。

若增长受突发事件影响(如疫情封控),需结合其他模型(如分段 Logistic)。

1.2 Logistic 种群增长案例

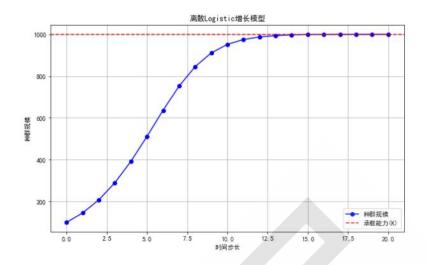
假设某地区某种动物的种群规模随时间增长,初始种群规模为 100,承载能力为 1000,增长率为 0.5。通过 Logistic 增长模型预测未来种群规模



微分方程模型事例【2018Mathorcup 数模挑战赛 C 题】

1.3 Logistic 种群增长模型代码

```
# 腐散时间的Logistic增长模型
NO = 100
K = 1000
r = 0.5
time_steps = 20
population = [NO]
for t in range(1, time_steps+1):
    N_prev = population[-1]
    N_next = N_prev + r * N_prev * (1 - N_prev/K)
    population. append (N_next)
#绘制结果
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.plot(range(time_steps+1), population, 'bo-', label='种群规模')
plt.axhline(y=K, color='r', linestyle='-', label='承载能力(K)')
plt.title('离散Logistic增长模型')
plt.xlabel('时间步长')
plt.ylabel('种群规模')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()
print("时间\t种群规模")
for t, pop in enumerate (population):
  print(f"{t}\t{pop:.2f}")
```



2 Lotka-Volterra 模型

2.1 模型原理与建模过程

Lotka-Volterra 模型(也称为捕食者-猎物模型)是描述两个物种(捕食者和猎物)相互作用的经典数学模型。它由 Alfred Lotka 和 Vito Volterra 独立提出,广泛应用于生态学、经济学等领域。

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy \\ \frac{dy}{dt} = \delta xy - \gamma y \end{cases}$$

符号	含义
x(t)	猎物种群规模
y(t)	捕食者种群规模
α	猎物的自然增长率
β	猎物被捕食者所捕食的速率
δ	捕食者通过捕食猎物增长的速率
γ	捕食者的自然死亡率

(2) Lotka-Volterra 模型的适用情形

①封闭系统

- 假设没有物种迁移(无迁入或迁出),系统与外界无交换。
- 适用于孤立环境(如岛屿、实验室封闭培养系统)。

②简单相互作用

- 仅包含一对捕食者-猎物关系,忽略其他物种或环境因素(如竞争、共生、疾病等)。
- 捕食者仅依赖猎物为食,猎物仅受捕食者威胁。

③无限资源假设

- 猎物种群的增长仅受捕食者限制(忽略资源竞争、承载能力等)。
- 捕食者的死亡率仅由猎物数量决定(忽略其他死亡因素)。

4瞬时响应

捕食率与猎物数量成正比, 无时滞效应(如捕食者繁殖或捕食行为的延迟)。

⑤均质环境

空间分布均匀,忽略栖息地异质性(如避难所、地形差异)。

(3) Lotka-Volterra 模型的注意事项

①过度简化风险

现实生态系统中存在多物种交互、环境波动、时滞效应等,模型可能无法准确预测复杂动态。

②参数敏感性

模型结果高度依赖参数(如捕食率、繁殖率),需通过实验或观测精确校准,否则预测可能偏离实际。

③周期性振荡的局限性

模型预测的捕食者-猎物数量周期性振荡在自然界中较少见(受随机扰动、环境噪声影响)。

本文根据对 SARS 传播的分析,把人群分为 5 类:易感类、潜伏期类、患病未被发现类、患病已被发现类和治愈及死亡组成的免疫类,并考虑自愈因素,提出了两个模型:微分方程模型和基于 Small-World Network 的模拟模型。对微分方程模型,以香港为例讨论了自愈的影响,在一定意义下说明自愈现象在 SARS 传播中是普遍存在的。模拟模型利用 Small-World Network^[1]模拟现实中人们之间的接触;借鉴 Sznajd 模型^[2]观念传播的基本思想"考察区域内每个成员如何影响与其有联系的其他成员",用影响类比传染,从患病者去传染与其有接触的健康人的角度,模拟 SARS 的传播过程;然后吸收元胞自动机模型^[3]同步更新的思想,最终建立了一个患病者传染邻居、且一个成员同时受所有邻居影响的基于 Small-WorldNetwork 的模拟模型。对此模型,我们讨论了一些主要参数及接种疫苗的影响,最后拟合北京数据,讨论了提前或推迟 5 天采取措施的影响。

借鉴以往微分方程建立传染病模型的思想[4-6],我们得到如下的关于 SARS 传播的 SEI_uI_iR 微分方程模型:

$$\begin{cases} s' = -\sigma I_u S \\ E' = \sigma I_u S - gE - \mu E \\ I'_u = gE - zI_u \\ I'_i = zI_u - cI_i \\ R' = cI_i + \mu E \end{cases} \begin{cases} S + E + I_u + I_i + R = N \\ S \geqslant 0, E \geqslant 0, I_u \geqslant 0, I_i \geqslant 0, R \geqslant 0 \end{cases}$$

微分方程模型实例【SARS 传染病论文】

2.2 Lotka-Volterra 模型案例

狐狸和兔子的捕食关系

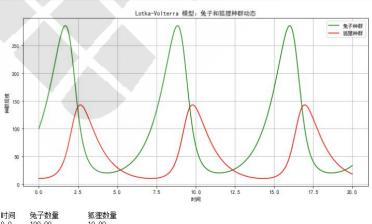
假设某生态系统中,兔子和狐狸的种群规模随时间变化。兔子的自然增长率为 1.0,被 捕食率为 0.02;狐狸通过捕食兔子增长的速率为 0.01,自然死亡率为 1.0。初始时,兔子和 狐狸的种群规模分别为 100 和 10

2.3Lotka-Volterra 模型代码

```
import numpy as np
 import matplotlib.pyplot as plt
 from scipy.integrate import odeint
 # 定义 Lotka-Volterra 模型的微分方程
def lotka_volterra (populations, t, alpha, beta, gamma, delta):
R, F = populations #R: 宏子數量, F: 類理數量
dRdt = alpha * R - beta * R * F
dFdt = gamma * R * F - delta * F
     return [dRdt, dFdt]
 #多数设置
#初始兔子数量
F0 = 10
                    #初始狐狸数量
t = np. linspace(0, 20, 500) # 时间范围 (0到20, 500个时间点)
 # 求解微分方程
solution = odeint(lotka_volterra, [RO, FO], t, args=(alpha, beta, gamma, delta))
R, F = solution.T # 提取宏子和領理的种群數量
plt.figure(figsize=(12, 6))
plt.plot(t, R, 'g-', label='兔子种群')
plt.plot(t, F, 'r-', label='狐狸种群')
plt.title('Lotka-Wolterra 模型: 兔子和狐狸种群动态')
plt. xlabel('时间')
plt. ylabel('种群规模')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()
# 输出部分时间点的种群数量
print("Filel\t兔子数量\t**加理数量")

for time, rabbits, foxes in zip(t[::50], R[::50], F[::50]):

print(f"{time:.1f}\t{rabbits:.2f}\t\t{foxes:.2f}")
```



```
10.00
86.60
65.35
0.0
2.0
4.0
             100.00
             257.10
21.01
6.0
             41.50
                                        14.77
8.0
10.0
12.0
            194.46
67.90
22.00
                                        14.46
137.89
                                        33.01
14.0
16.0
             79.64
285.86
                                        10.31
                                        52. 46
81. 57
             23, 99
18.0
```

其中 K 为直线弹簧刚度。通过查阅文献 [2] 知,物体在波浪运动中所受的静水恢复 力由重力和浮力的联合作用引起,仅考虑垂荡运动时,**静水恢复力**满足:

$$f_r = -\rho g A x_f(t)$$
 (5)

其中, A是海平面截面面积。浮子所受的兴波阻尼力 fc。满足:

$$f_{c_{\sigma}} = -C_{xh}x'_{f}(t) \qquad (6)$$

则由牛顿第二定律可得浮子和振子的垂荡运动模型为:

$$\begin{cases} (m_f + m')x_f''(t) = f_e + f_{c_w} + f_r - f_{PTO} \\ m_z x_z''(t) = f_{PTO} \end{cases}$$
 (7)

其中 m_f , m_z , m'分别是浮子质量,振子质量和附加惯性质量, $x_f(t)$, $x_z(t)$ 分别是浮子垂荡位移和振子垂荡位移。

微分方程模型事例【2022 年 A 题】

对浮子和振子分别进行受力分析、建立多元微分方程,利用 MATLAB 中的 ode45 功能函数 求解,最终得到浮子和振子在 40 个波浪周期内的垂荡位移和速度,两小向各自条件下 10s、20s、40s、60s、100s 时的数据如下文 5.1 中表 1 和表 2 所示。

微分方程模型事例【2022 年 A 题】

在阻尼系数非恒定的情况下,将微分方程改写成四元一阶非常系数微分方程组,采用四阶 Runge - Kutta 法求微分方程组的数值解,得到 100s 时浮子位移为 -0.0894m, 速度为 -0.6066m/s, 振子位移为 -0.0952m, 速度为 -0.6467m/s, 其他时刻数据见正文。

微分方程模型事例【2022年A题】