Trabalho 1

Bibliotecas

Função para solucionar EDO usando Runge-Kutta clássico de 4ª ordem

```
In [46]: def rk4(f, x0, t):
    x = np.zeros((len(t), len(x0)))
    x[0] = x0
    for i in range(1, len(t)):
        dt = t[i] - t[i-1]
        k1 = f(x[i-1], t[i-1])
        k2 = f(x[i-1] + 0.5*dt*k1, t[i-1] + 0.5*dt)
        k3 = f(x[i-1] + 0.5*dt*k2, t[i-1] + 0.5*dt)
        k4 = f(x[i-1] + dt*k3, t[i])
        x[i] = x[i-1] + (dt/6)*(k1 + 2*k2 + 2*k3 + k4)
    return x
```

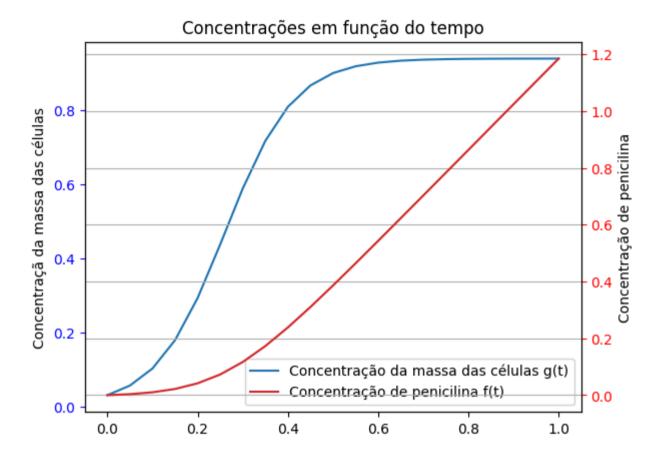
Condições iniciais:

```
In [47]: G ini = 0.03
         F ini = 0
         x0 = [G ini, F ini] # vetor de condições iniciais
         ts = 1 # tempo de simulação em segundos
         dt = 0.05 # passo de tempo
         t = np.arange(0, ts+dt, dt) # vetor de tempo
         Obtem a solução:
In [48]: solucao = rk4(sistema, x0, t)
         solucao
Out[48]: array([[0.03
                            , 0.
                 [0.0560719 , 0.00356722],
                 [0.10226165, 0.0101539],
                 [0.17881616, 0.02191602],
                 [0.29267641, 0.04180476],
                 [0.43738777, 0.07286383],
                 [0.58857636, 0.11679015],
                 [0.71737472, 0.17285811],
                 [0.80935935, 0.2384019],
                 [0.86711749, 0.31029131],
                 [0.90051646, 0.38600195],
                 [0.91891989, 0.46386783],
                 [0.92879248, 0.54290474],
                 [0.93401279, 0.62256509],
                 [0.93675209, 0.70255376],
                 [0.93818375, 0.78271435],
                 [0.93893042, 0.86296468],
                 [0.9393194 , 0.94326179],
                 [0.93952194, 1.02358326],
                 [0.93962736, 1.10391742],
                 [0.93968222, 1.18425817]])
         Plota o resultado:
```

```
In [49]:
    fig, ax = plt.subplots()
    ax2 = ax.twinx()

plotC = ax.plot(t, solucao[:, 0],label='Concentração da massa das células g(t)', color='tab:blue')
    plotF = ax2.plot(t, solucao[:, 1], label='Concentração de penicilina f(t)', color='tab:red')

ax.set_ylabel('Concentração da massa das células')
    ax.tick_params(axis='y', colors='blue')
    ax2.set_ylabel('Concentração de penicilina')
    ax2.tick_params(axis='y', colors='red')
    plt.xlabel('Tempo [s]')
    titulo = 'Concentrações em função do tempo'
    plt.title(titulo)
    plt.grid()
    ax.legend(handles=[plotC[0], plotF[0]])
    plt.show()
```



Validando o resultado:

Pacotes conhecidos do python como o sympy.solve_ivp utilizando o Método Runge-Kutta explícito de ordem 5

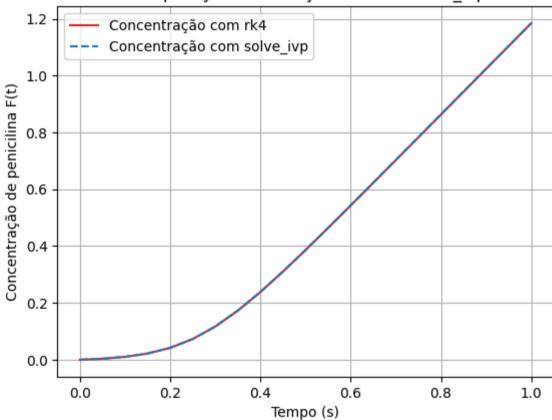
```
In [50]: from scipy.integrate import solve_ivp

def sistema_ivp(t, x):
    f1, f2 = x
    dxldt = 13.1*f1 - 13.94*(f1**2)
    dx2dt = 1.71*f1
    return [dxldt, dx2dt]

sol_ivp = solve_ivp(sistema_ivp, [0, 1], x0, t_eval=t)
```

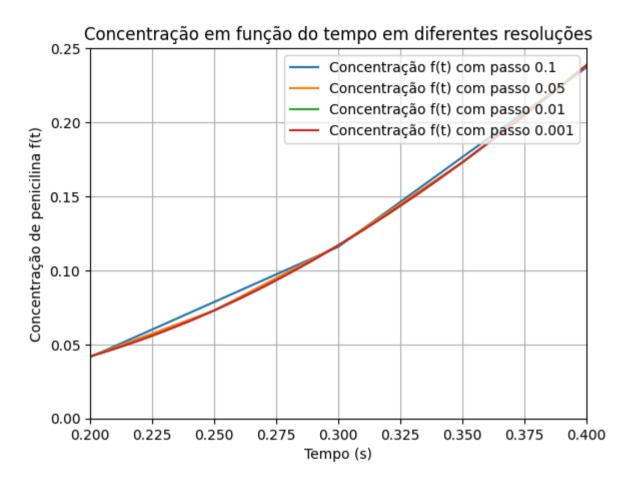
```
plt.plot(t, solucao[:, 1], label='Concentração com rk4', color='tab:red')
plt.plot(sol_ivp.t, sol_ivp.y[1], '--', label='Concentração com solve_ivp', color='tab:blue')
plt.xlabel('Tempo (s)')
plt.ylabel('Concentração de penicilina F(t)')
titulo = 'Comparação das soluções: rk4 vs solve_ivp'
plt.title(titulo)
plt.grid()
plt.legend()
plt.show()
```

Comparação das soluções: rk4 vs solve ivp



Comparando os passos de tempo para solução:

```
In [51]: G ini = 0.03
         F ini = 0
         x0 = [G ini, F ini]
         dt values = [0.1, 0.05, 0.01, 0.001]
         t = [np.arange(0, ts+dt, dt) for dt in dt values]
         solucao = [rk4(sistema, x0, tempo) for tempo in t]
         for tempo, sol in zip(t, solucao):
             plt.plot(tempo, sol[:, 1], label=f'Concentração f(t) com passo {tempo[-1]/(len(tempo)-1)}')
         titulo = 'Concentração em função do tempo em diferentes resoluções'
         plt.title(titulo)
         plt.xlim(0.2, 0.4)
         plt.ylim(0, 0.25)
         plt.xlabel('Tempo (s)')
         plt.ylabel('Concentração de penicilina f(t)')
         plt.legend(loc='upper right')
         plt.grid()
         plt.show()
```



Se não é possível visualizar a linha verde (passo 0.01), significa que a linha vermelha (passo 0.001) a sobrepõe perfeitamente, logo a resolução de 0.01 converge com menor custo computacional

O mesmo para a g(t):

```
In [52]: G_ini = 0.03
F_ini = 0

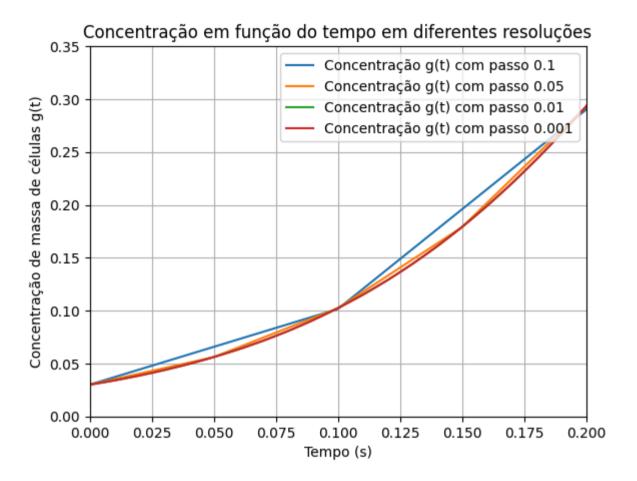
x0 = [G_ini, F_ini]

dt_values = [0.1, 0.05, 0.01, 0.001]
t = [np.arange(0, ts+dt, dt) for dt in dt_values]
```

```
solucao = [rk4(sistema, x0, tempo) for tempo in t]

for tempo, sol in zip(t, solucao):
    plt.plot(tempo, sol[:, 0], label=f'Concentração g(t) com passo {tempo[-1]/(len(tempo)-1)}')

titulo = 'Concentração em função do tempo em diferentes resoluções'
plt.title(titulo)
plt.xlabel('Tempo (s)')
plt.ylabel('Concentração de massa de células g(t)')
plt.xlim(0, 0.2)
plt.ylim(0, 0.35)
plt.legend(loc='upper right')
plt.grid()
plt.show()
```



Similar ao anterior, se não é possível visualizar a linha verde (passo 0.01), significa que a linha vermelha (passo 0.001) a sobrepõe perfeitamente, logo a resolução de 0.01 converge com menor custo computacional

Plotando diferentes condições iniciais

Comparando variações nas condições iniciais de concentração de massa:

```
In [53]: G_ini = np.linspace(0.03, 0.12, 4)
F_ini = 0

x0 = [G_ini, F_ini]
```

```
ts = 1
dt = 0.01
t = np.arange(0, ts+dt, dt)
solucao = np.array([rk4(sistema, [g, F ini], t) for g in G ini])
fig, ax = plt.subplots()
plotT = []
cor = ['tab:blue', 'tab:red', 'tab:green', 'tab:orange', 'tab:purple', 'tab:brown']
for i, T in enumerate(G ini):
    plotT.append(ax.plot(t, solucao[i][:, 0], label=f'g(t) inicial {T:.2f}', color=cor[i % len(cor)]))
ax.set ylabel('g(t)')
plt.xlabel('Tempo (s)')
titulo = 'g(t) em função do tempo para diferentes condições iniciais'
plt.title(titulo)
plt.grid()
media finais = round(np.mean(solucao[:, -1, 0]), 4)
ax.axhline(media finais, color='black', linestyle='--', label=f'Assintota: {media finais:.4f}')
valores maximos = np.max(solucao[:, :, 0], axis=1)
tempos maximos = t[np.argmax(solucao[:, :, 0], axis=1)]
desvio padrao = np.std(valores maximos)
for i, T in enumerate(G ini):
    print(f'Máximo g={valores maximos[i]:.4f} em t={tempos maximos[i]:.2f}')
print(f'Média dos últimos valores: {media finais:.4f}')
print(f'Média dos máximos valores: {np.mean(valores maximos):.4f}, desvio padrão: {desvio padrao:.2f}')
handles, labels = ax.get legend handles labels()
ax.legend(handles, labels)
plt.show()
```

```
Máximo g=0.9397 em t=1.00 

Máximo g=0.9397 em t=1.00 

Máximo g=0.9397 em t=1.00 

Máximo g=0.9397 em t=1.00 

Média dos últimos valores: 0.9397 

Média dos máximos valores: 0.9397, desvio padrão: 0.00
```

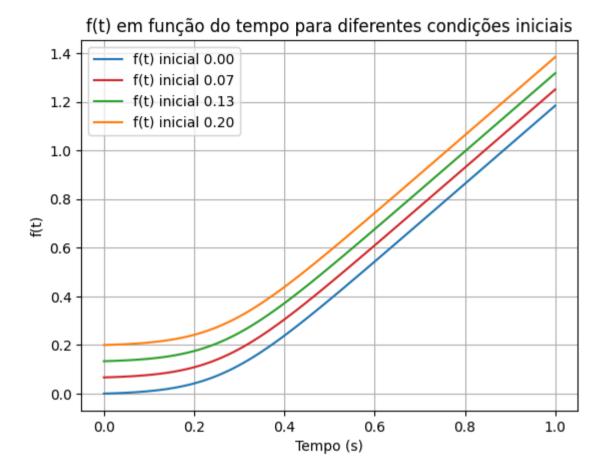
g(t) em função do tempo para diferentes condições iniciais 0.8 0.6 g(t) 0.4 g(t) inicial 0.03 g(t) inicial 0.06 0.2 g(t) inicial 0.09 g(t) inicial 0.12 Assintota: 0.9397 0.0 0.2 0.6 0.0 0.4 0.8 1.0 Tempo (s)

Percebe-se a ocorrência de uma assintota final independente da condição inicial

Similar para a concentração de penicilina:

```
x0 = [G ini, F ini]
 ts = 1
 dt = 0.01
t = np.arange(0, ts+dt, dt)
solucao = np.array([rk4(sistema, [G ini, f], t) for f in F_ini])
fig, ax = plt.subplots()
 plotT = []
 cor = ['tab:blue', 'tab:red', 'tab:green', 'tab:orange', 'tab:purple', 'tab:brown']
 for i, F in enumerate(F ini):
     plotT.append(ax.plot(t, solucao[i][:, 1], label=f'f(t) inicial {F:.2f}', color=cor[i % len(cor)]))
 ax.set ylabel('f(t)')
 plt.xlabel('Tempo (s)')
titulo = 'f(t) em função do tempo para diferentes condições iniciais'
 plt.title(titulo)
 plt.grid()
 valores maximos = np.max(solucao[:, :, 1], axis=1)
 tempos maximos = t[np.argmax(solucao[:, :, 1], axis=1)]
 desvio padrao = np.std(valores maximos)
 for i, F in enumerate(F ini):
     print(f'Máximo f={valores maximos[i]:.4f} em t={tempos maximos[i]:.2f}')
 handles, labels = ax.get legend handles labels()
ax.legend(handles, labels)
plt.show()
Máximo f=1.1844 em t=1.00
```

Máximo f=1.1844 em t=1.00 Máximo f=1.2511 em t=1.00 Máximo f=1.3178 em t=1.00 Máximo f=1.3844 em t=1.00



A mudança da condição inicial apenas move a curva ao longo do eixo y