

Politechnika Rzeszowska im. Ignacego Łukasiewicza  
Wydział Matematyki i Fizyki Stosowanej

# **RÓWNANIA RÓŻNICZKOWE**

---

Zastosowanie równań różniczkowych  
Modele populacji

---

**Adrian Jakubowski**

**Inżynieria i Analiza Danych, grupa L1**

**Rzeszów, 12.01.2023**

# 1. Wstęp teoretyczny

Równania różniczkowe są używane w wielu dziedzinach nauki i techniki do modelowania zjawisk zachodzących w przyrodzie lub w systemach technicznych. W zastosowaniach związanych z modelowaniem populacji, równania różniczkowe są używane do opisanie dynamiki zmian liczebności danej populacji w czasie.

Istnieje wiele różnych modeli populacji, które różnią się sposobem opisywania zmian liczebności populacji. Niektóre z nich są bardziej skomplikowane i uwzględniają więcej czynników niż inne. Na potrzeby tej prezentacji zdecydowałem się wziąć trzy modele populacji, które są jednymi z najbardziej znanych.

## 1.1. Model Verhulsta

**Model Verhulsta (wzrost logistyczny liczebności populacji)** – jest to model wzrostu populacji zaproponowany przez Pierre’a Francois’a Verhulsta w roku 1837. Cechuje go zwiększanie się liczebności początkowo z prędkością rosnącą, a następnie malejącą w związku z napotkaniem przez populację oporu środowiska wzrost liczebności ustaje, gdy zostaje osiągnięty poziom wyznaczony przez pojemność środowiska.

Model logistyczny jest modelem uproszczonym, a więc powinno się go stosować jedynie jako podwaliny pod dalsze badania nad danymi gatunkami. Najskuteczniejsze zastosowanie modelu logistycznego następuje dla nowych gatunków zwierząt, a także dla roślin, grzybów czy mikroorganizmów w początkowych stadiach swego istnienia, ponieważ wtedy są najbardziej narażone na nowe bodźce

Model Verhulsta można przedstawić za pomocą równania:

$$N'(t) = r * N(t) * \left(1 - \frac{N(t)}{K}\right)$$

gdzie:

**N(t)** – aktualna liczba osobników danej populacji w momencie czasu

**N'(t)** – pochodna liczby osobników względem czasu

**r** – współczynnik wzrostu populacji; stała opisująca szybkość wzrostu uzależnionego od czynników takich jak klimat, ilość pokarmu, występowanie drapieżników

**K** – pojemność środowiska; maksymalna liczba osobników, jaką może osiągnąć dany gatunek

## 1.2. Model Malthusa

**Maltuzjański model wzrostu populacji** – uproszczony model dynamiki zmian populacji, stanowiący matematyczną formę koncepcji wzrostu populacji gatunku w ekosystemie sformułowanej przez Thomasa Malthusa.

Ten model opisujący dynamikę populacji ludzkiej jest oparty na teorii, że tempo wzrostu ludzkości jest szybsze niż tempo wzrostu dostępności pokarmu.

Podany model nieograniczonego wzrostu ma w rzeczywistości niezbyt duży zakres zastosowań do opisu rzeczywistych zjawisk populacyjnych. Odzwierciedlać może początkową dynamikę rozwoju populacji w przypadku ekspansji na nowe, niezasiedlone jeszcze terytoria, zwłaszcza w przypadku braku istnienia drapieżników.

Malthus krytykowany był za brak uwzględnienia wielu skomplikowanych procesów, takich jak technologiczny postęp czy zmiany klimatyczne, które mogą mieć wpływ na produkcję żywności i tempo wzrostu ludności. Mimo to model Malthusa jest ważnym narzędziem do opisywania ogólnych tendencji wzrostu ludności i może być używany do prognozowania przyszłych stanów populacji.

Model populacji Malthusa przedstawia wzór:

$$N'(t) = r * N(t)$$

gdzie:

$N(t)$  – aktualna liczba osobników danej populacji w momencie czasu

$N'(t)$  – pochodna liczby osobników względem czasu

$r$  – współczynnik wzrostu populacji; stała opisująca szybkość wzrostu uzależnionego od czynników takich jak klimat, ilość pokarmu, występowanie drapieżników

## 1.3. Model Gombertza

**Model Gombertza** – jest to model rozwoju populacji opatentowany przez brytyjskiego statystyka Benjamina Gompertza, oparty na prawie umieralności Makehama – Gompertza, które mówi m.in. o tym, że natężenie wymierania jest wykładniczo zależne od wieku.

Zakłada, że liczba ludności rośnie w szybkim tempie w młodym wieku, a następnie spada, gdy ludzie starzeją się i umierają. W ten sposób model ten wyjaśnia, dlaczego liczba ludności w starszym wieku jest niższa niż w młodym wieku. Model populacji Gompertza jest szeroko stosowany w demografii do prognozowania wielkości populacji w przyszłości, a także w mikrobiologii do opisu faz wzrostu drobnoustrojów

Model Gombertza wprowadza nową zmienną **a** – tzw. **współczynnik tłumienia**, często nazywany również współczynnikiem śmierci, który określa jak szybko rośnie śmiertelność w zależności od liczebności.

Model Gombertza można zaprezentować wzorem:

$$N'(t) = r * N(t) * e^{-a*N}$$

**N(t)** – aktualna liczba osobników danej populacji w momencie czasu

**N'(t)** – pochodna liczby osobników względem czasu

**r** – współczynnik wzrostu populacji; stała opisująca szybkość wzrostu uzależnionego od czynników takich jak klimat, ilość pokarmu, występowanie drapieżników

**a** - współczynnik tłumienia/śmierci; określa jak szybko rośnie śmiertelność w zależności od liczebności.

## 2. Opis rozwiązania problemu

Do szczegółowego zapoznania się z tematem modeli populacji, jako zastosowań równań różniczkowych oraz do przejrzystego przedstawienia tychże zastosowań, posłużyłem się programem RStudio obsługującym język programowania R.

Stworzyłem skrypt dla każdego z trzech modeli, który w ostatecznym rozrachunku różni się jedynie główną funkcją, przykładowymi danymi oraz szczegółami wizualizacji. Po krótko opiszę każdy z tych modeli, przy czym skrypt opiszę szczegółowo tylko w przypadku pierwszego modelu, ponieważ tak jak wcześniej wspomniałem, skrypty poszczególnych modeli nie różnią się zbyt dużą ilością elementów.

### 2.1. Model Verhulsta

```
library(tidyverse)
library(deSolve)
```

Skrypt rozpocząłem od wcześniej znanej mi już biblioteki tidyverse, dzięki której możliwe jest stworzenie prostej wizualizacji danych oraz zapoznałem się z nową biblioteką deSolve, która jest podstawą dla tego projektu, ponieważ umożliwia rozwiązywanie równań różniczkowych.

```
logistic_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {
    dN <- r * N * (1 - N/K)
    return(list(c(dN)))
  })}

```

Głównym etapem każdego ze skryptów dla poszczególnych modeli jest etap definicji głównej funkcji, która zawiera trzy argumenty:

time – wektor czasu, dla którego będzie obliczany model

state – wektor stanu początkowego, mówiący o aktualnej liczbie osobników w populacji

parameters – wektor parametrów modeli (w przypadku modelu Verhulsta, zawiera on współczynnik wzrostu populacji  $r$  oraz pojemność środowiska  $K$ )

Funkcja tworzy listę składającą się z wektora stanu początkowego oraz z parametrów modelu, a także stosuje wzór na model Verhulsta. Następnie zwraca listę, zawierającą wektor odpowiednich wartości pochodnej  $N$ , która będzie wyliczana w momencie stosowania równań różniczkowych

```
initial_state <- c(N = 1000)
parameters <- c(r = 0.2, K = 10000)
time <- seq(0, 100, by = 1)

```

Następna część skryptu zawiera implementacje zmiennych, o których była mowa wcześniej. Na potrzeby tego zadania ustawiłem przykładowe dane, takie jak początkowa populacja równa 1000, współczynnik rozwoju równy 0,2, maksymalna pojemność 10000. Dodatkowo stworzyłem wektor czasu, który przechowuje 100 jednostek czasu.

```
output <- ode(y = initial_state, times = time, func =
logistic_model, parms = parameters)

```

Kwintesencją całego projektu jest powyższa linijka kodu, dzięki której możliwe jest rozwiązanie równania różniczkowego. Funkcja `ode` przyjmuje kilka kluczowych argumentów:

y – wektor stanu początkowego

times – wektor czasu

func – główna funkcja

parms – wektor parametrów modelu

```

ggplot(data = as.data.frame(output), aes(x = time, y =
N)) +
  geom_line(size = 2, color = "red") +
  theme(plot.background = element_rect(fill =
"lightblue"),
  axis.text = element_text(size = 14, face = "bold"),
  axis.title = element_text(size = 16, face = "bold")) +
  ggtitle("Model logistyczny Verhulsta") +
  xlab("Czas") +
  ylab("Liczba osobników")

```

Ostatnim etapem skryptu każdego z modeli jest wizualizacja. Zastosowałem do tego funkcję ggplot, poznaną na laboratoriach podczas drugiego semestru studiów, przyjmującą wiele różnych argumentów, które służą np. do zmiany czcionki, grubości wykresu, koloru tła, tytułu czy nazw osi.

## 2.2. Model Malthusa

Skrypt modelu Malthusa prezentuje się następująco:

```

malthus_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {
    dN <- r * N
    return(list(c(dN)))
  })
}

initial_state <- c(N = 100)
parameters <- c(r = 0.1)
time <- seq(0, 100, by = 1)

output <- ode(y = initial_state, times = time, func =
malthus_model, parms = parameters)

ggplot(data = as.data.frame(output), aes(x = time, y =
N)) +
  geom_line(size = 2, color = "red") +
  theme(plot.background = element_rect(fill =
"lightblue"),

```

```
axis.text = element_text(size = 14, face = "bold"),
axis.title = element_text(size = 16, face = "bold")) +
ggtitle("Model Malthusa") +
xlab("Czas") +
ylab("Liczba osobników")
```

Jak można zauważyć, skrypty te są niemal identyczne. Różnią się jedynie główną funkcją, przykładowymi danymi oraz aspektami związanymi z wizualizacją.

## 2.3. Model Gompertza

Model rozwoju populacji Gompertza może być przedstawiony w języku R przez następujący skrypt:

```
gompertz_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {
    dN <- r * N * exp(-a * N)
    return(list(c(dN)))
  })
}

initial_state <- c(N = 100)
parameters <- c(r = 0.1, a = 0.1)
time <- seq(1, 50, by=1)

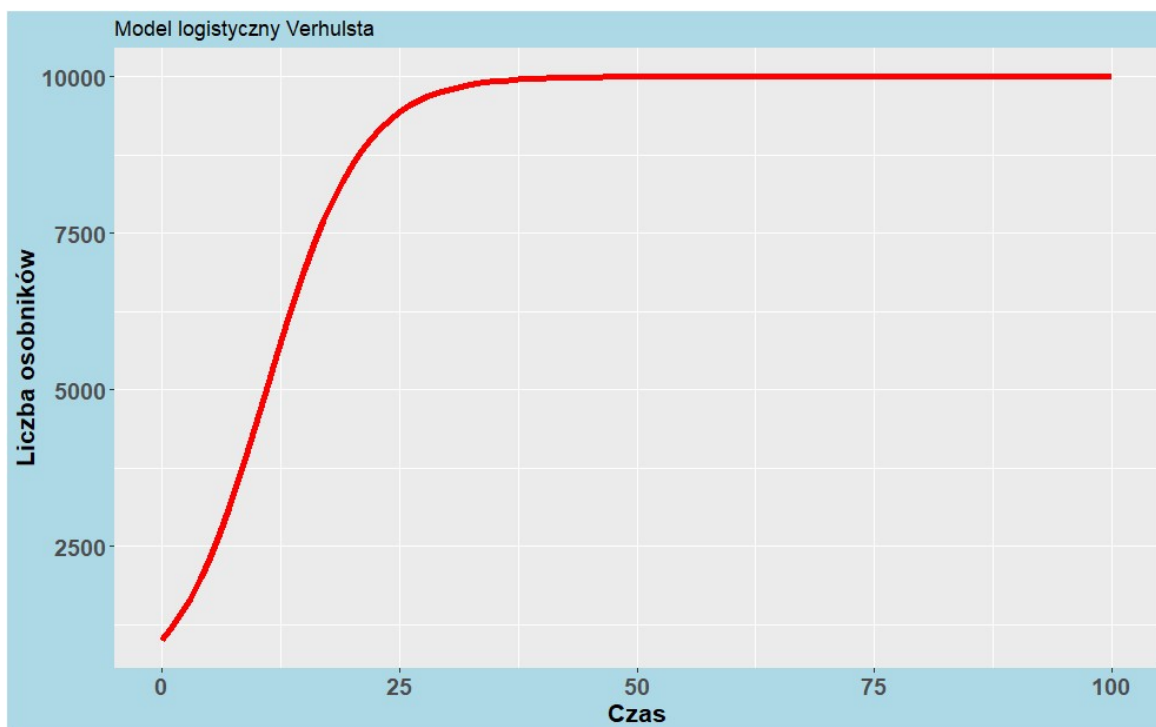
output <- ode(y = initial_state, times = time, func =
gompertz_model, parms = parameters)

ggplot(data = as.data.frame(output), aes(x = time, y =
N)) +
  geom_line(size = 2, color = "red") +
  theme(plot.background = element_rect(fill =
"lightblue"),
  axis.text = element_text(size = 14, face = "bold"),
  axis.title = element_text(size = 16, face = "bold")) +
  ggtitle("Model Gompertza") +
  xlab("Czas") +
  ylab("Liczba osobników")
```

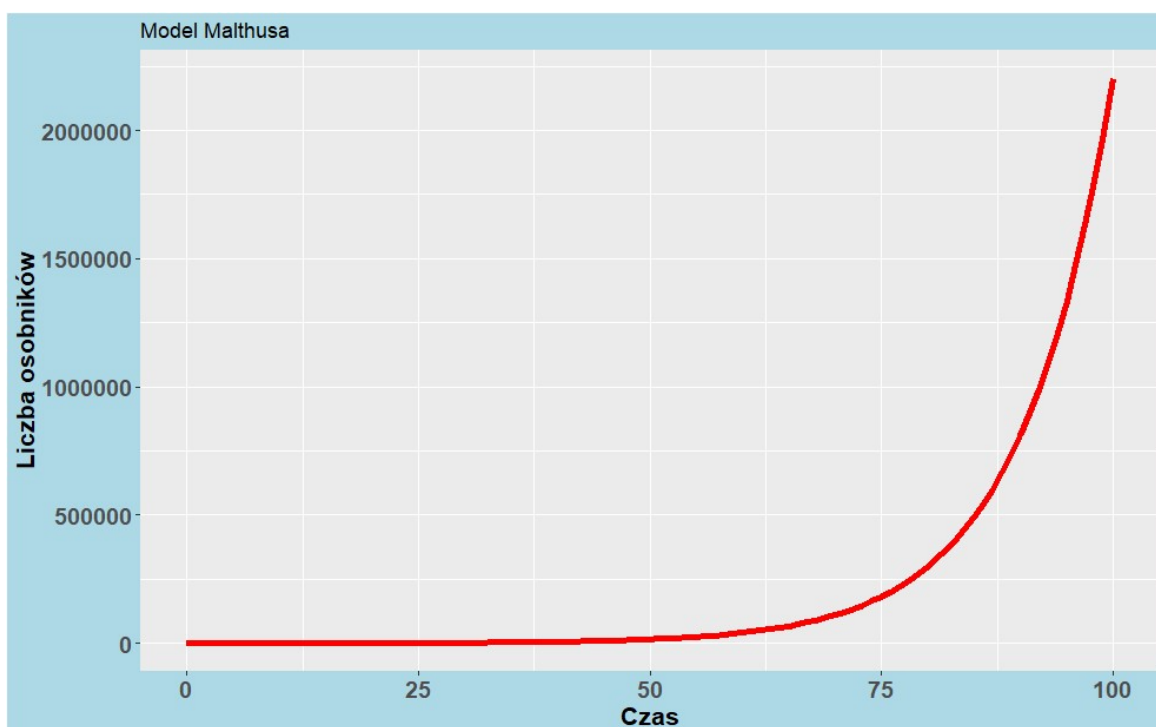
### 3. Wizualizacja

Aby zwizualizować wcześniej opisane modele, wykorzystałem skrypty, które przedstawiłem na poprzednich stronach.

#### 3.1. Model Verhulsta

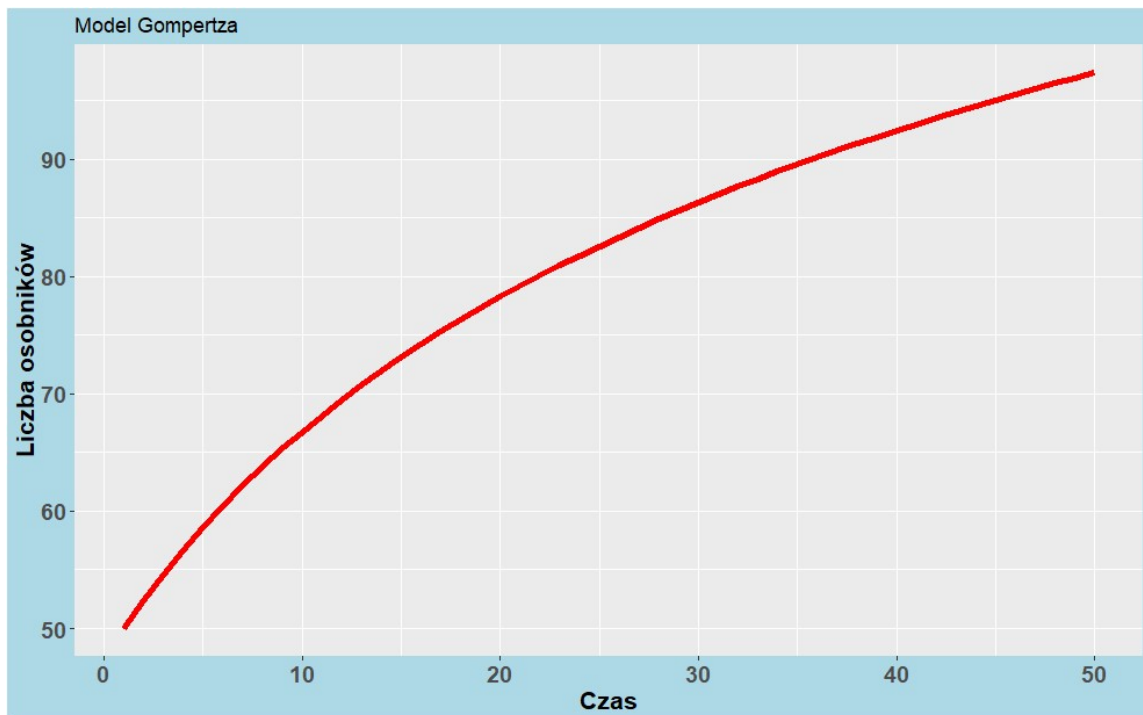


#### 3.2. Model Malthusa





### 3.3. Model Gombertza



Można łatwo dostrzec, że powyższe wykresy w poprawny sposób ukazują ideę poszczególnych modeli. W modelu Verhulsta po zdecydowanym wyżu demograficznym przychodzi ustabilizowanie liczby populacji ze względu na opory środowiska. Maltuzjański model zaś przedstawia coraz szybszy wzrost liczby osobników wraz z biegiem czasu. Najbardziej wyważonym modelem okazuje się być model Gombertza, który uwzględnia ważny czynnik – współczynnik umieralności.

## 4. Wnioski

Równania różniczkowe są zagadnieniem o ogromnych zastosowaniach w wielu dziedzinach związanych z biologią, fizyką, astronomią czy ekonomią. Mój projekt dotyczy zastosowań równań różniczkowych w modelach rozwoju populacji, ale teraz pojawia się bardzo ważne pytanie: czy to ma w ogóle sens? Oczywiście, modele populacji mogą stanowić pewną podstawę pod dalsze badania na temat populacji danych gatunków, gdyż opisują one proste zależności między wzrostem populacji, a aktualną populacją oraz mogą być stosowane do opisywania zjawisk takich jak wyczerpywanie się zasobów czy brak pokarmu. Patrząc jednak racjonalnie na przytoczone przeze mnie modele, większość z nich nie ma odzwierciedlenia w świecie rzeczywistym. Nie uwzględniają takich elementów jak choroby, kataklizmy czy konkurencja między gatunkami. Ponadto, elementy takie jak liniowy wskaźnik wzrostu populacji rosnący wraz z liczebnością (model Malthusa) oraz współczynnik śmierci rosnący wykładniczo z populacją (model Gombertza) ukazują, aby modele te brać z dystansem.

## 5. Bibliografia

*<https://mst.mimuw.edu.pl/lecture.php?lecture=mbm&part=Ch2>*

*[https://pl.wikipedia.org/wiki/Wzrost\\_logistyczny\\_liczebności\\_populacji](https://pl.wikipedia.org/wiki/Wzrost_logistyczny_liczebności_populacji)*

*[https://pl.frwiki.wiki/wiki/Modèle\\_de\\_Gompertz](https://pl.frwiki.wiki/wiki/Modèle_de_Gompertz)*

*[https://www.math.uni.wroc.pl/sites/default/files/skrypt\\_rr1.pdf](https://www.math.uni.wroc.pl/sites/default/files/skrypt_rr1.pdf)*

*<https://cran.r-project.org/web/packages/deSolve/vignettes/deSolve.pdf>*

*[https://pl.wikipedia.org/wiki/Maltuzjański\\_model\\_wzrostu\\_populacji](https://pl.wikipedia.org/wiki/Maltuzjański_model_wzrostu_populacji)*