

ZASTOSOWANIA RÓWNAŃ RÓŻNICZKOWYCH

Modele populacji

Agenda

- Wprowadzenie
- Model logistyczny Verhulsta
- Model Malthusa
- Model Gompertza
- Podsumowanie

Wprowadzenie

RÓWNANIA RÓŻNICZKOWE, A MODELE POPULACJI

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.

MODELE POPULACJI

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 modeli.

Model Verhulsta

Istnieje kilka najważniejszych modeli populacji, które opisywane są z zastosowaniem równań różniczkowych. Jednym z nich jest model Pierre'a Francois'a Verhulsta (zwany także modelem logistycznym) opatentowany w roku 1837.

Przedstawia on zwiększanie się liczebności początkowo z prędkością rosnącą, a następnie malejącą w związku z napotkaniem przez populację oporu środowiska. Model ten zakłada, że wzrost populacji jest ograniczony przez dostępność zasobów, takich jak jedzenie, miejsce do życia itp. Wzrost populacji jest więc proporcjonalny do liczby osobników, ale maleje wraz ze wzrostem populacji, co prowadzi do osiągnięcia stabilnego poziomu.

Model Verhulsta 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 logistyczny Verhulsta

$$N' = r * N * (1 - N/K)$$

N(t)

aktualna liczba osobników w danym momencie czasu

N'(t)

pochodna liczby osobników względem czasu

r

współczynnik wzrostu populacji (stała opisująca szybkość wzrostu uzależnionego od czynników)

K

pojemność środowiska (maksymalna liczba osobników, którą gatunek może osiągnąć)

ZASTOSOWANIA RÓWNAŃ RÓŻNICZKOWYCH

Skrypt krok po kroku

MODEL LOGISTYCZNY VERHULSTA

Biblioteki

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

Skrypt rozpocząłem od wczytania potrzebnych bibliotek:

- Biblioteka „tidyverse” zawiera szereg narzędzi do przetwarzania i wizualizacji danych
- Biblioteka „deSolve” umożliwia rozwiązywanie równań różniczkowych.

Definicja głównej funkcji

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

Następnie zdefiniowałem funkcję, dzięki której będzie można opisać dynamikę populacji.

W niej zawierają się trzy argumenty:

- time - wektor czasu, dla którego będzie obliczany model
- state - wektor stanu początkowego, tj. aktualnej liczby osobników w populacji
- parameters - wektor parametrów modeli (współczynnika wzrostu populacji r oraz maksymalnej liczby osobników K)

Warto zaznaczyć, że wspomniane elementy skryptu, takie jak np. zmienne czy parametry funkcji będą niemalże takie same dla różnych modeli. Główną różnicą dla poszczególnego modelu jest wyżej wypisana funkcja.

Implementacja zmiennych

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

Następnie zdefiniowałem `initial_state` oraz `parameters`, nadając im przykładowe dane, a także określiłem przykładowy zakres czasu.

Zastosowanie równań różniczkowych

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

Kolejnym krokiem było uruchomienie modelu za pomocą funkcji `ode`, która rozwiązuje równania różniczkowe.

Jej argumentami są:

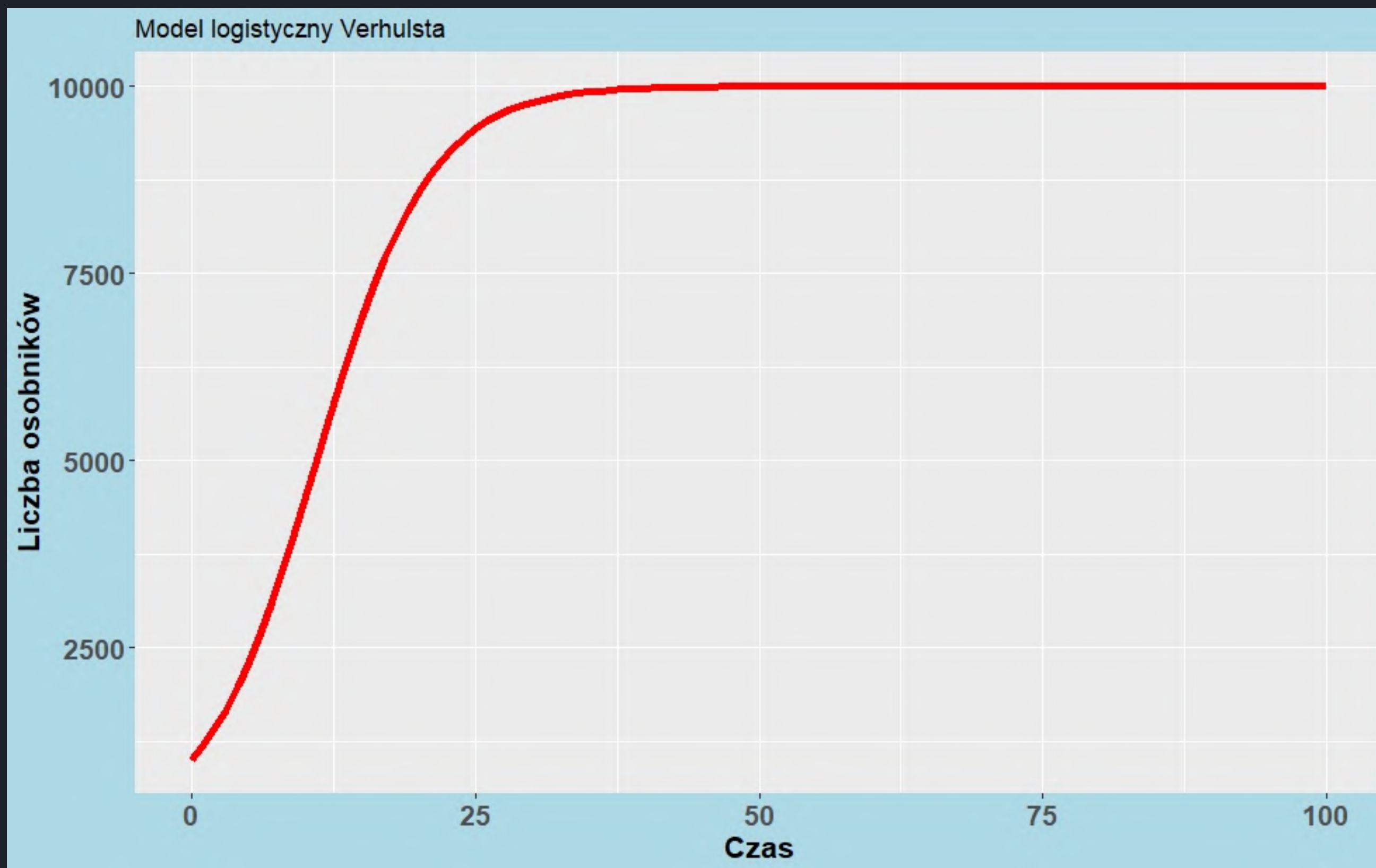
- `y` – wektor stanu początkowego
- `times` – wektor czasu
- `func` – funkcja
- `parms` – wektor parametrów modelu.

Wizualizacja

```
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 krokiem było wyświetlenie modelu w postaci wykresu z zastosowaniem zmian grubości czcionki, koloru tła, tytułu, nazw osi czy koloru wykresu.

WYKRES MODELU



Model Malthusa

Model Malthusa to ekonomiczny model populacji, który został opracowany przez Thomasa Malthusa w XVIII wieku. Ten model opisujący dynamikę populacji ludzkiej jest oparty na teorii, że tempo wzrostu ludzkości jest szybsze niż tempo wzrostu dostępności pokarmu. W rzeczywistości ma 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. Wadą tego rozwiązania jest fakt, że przy t dążącym do nieskończoności, wartość N również do nieskończoności, co sugerowałoby nieograniczony wzrost liczby populacji.

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 Malthusa

$$N' = r * N$$

N(t)

aktualna liczba

osobników w danym

momencie czasu

N'(t)

pochodna liczby

osobników względem

czasu

r

współczynnik wzrostu

populacji

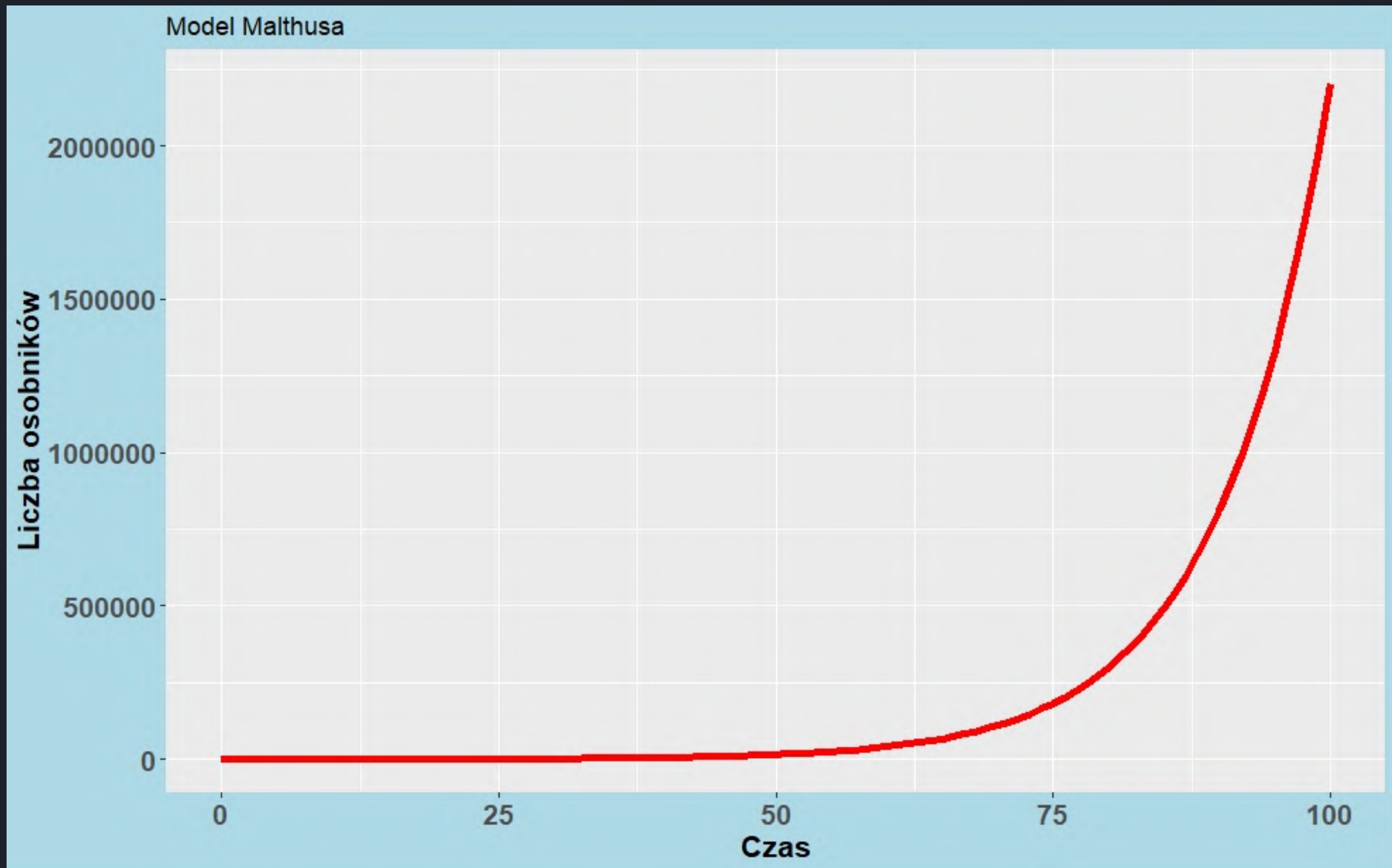
Skrypt modelu Malthusa

```
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)
```

W wyżej wypisanym skrypcie jedyną różnicą jest wzór na model Malthusa zawarty w definicji głównej funkcji.

Dla przejrzystości slajdu zdecydowałem się nie dodawać skryptu z wgrywania bibliotek oraz wizualizacji, ponieważ te aspekty nie uległy zmianie (poza nazwami osi oraz tytułem wykresu).

WYKRES MODELU



Model Gompertza

Wspomniane wady powyższych modeli i im podobnych spowodowały pojawienie się nowego modelu w którym wprowadzono nowy czynnik odpowiadający za tłumienie pochodnej dla dużych wartości czasu.

Model populacji Benjamina Gompertza z 1825r. 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

$$N' = r * N * e^{(-a*N)}$$

N(t)

aktualna liczba osobników w danym momencie czasu

N'(t)

pochodna liczby osobników względem czasu

r

współczynnik wzrostu populacji

a

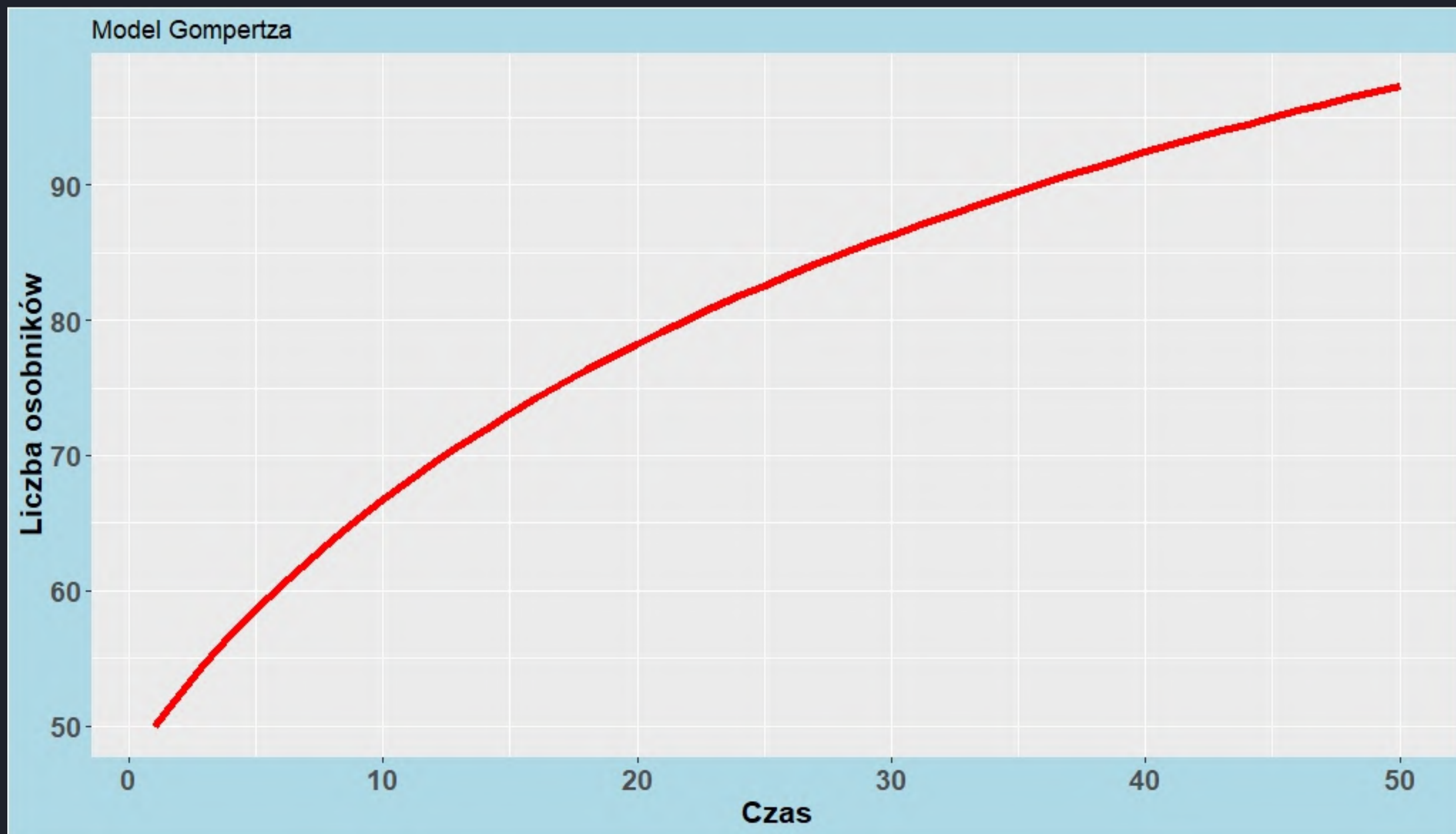
współczynnik tłumienia wzrostu populacji (często interpretowany jako współczynnik śmierci - określający jak szybko rośnie śmiertelność w zależności od liczebności)

Skrypt modelu Gombertza

```
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 = 50)  
parameters <- c(r = 0.6, a = 0.05)  
time <- seq(1, 50, by=1)
```

Powyższy skrypt przedstawiający model Gombertza w porównaniu do poprzednich modeli został analogicznie zmieniony o wzór w głównej funkcji. Dodatkowo w wektorze parameters został dodany współczynnik a.

WYKRES MODELU



ZASTOSOWANIA RÓWNAŃ RÓŻNICZKOWYCH

Podsumowanie

WADY I ZALETY

Podsumowanie

Z A L E T Y

Główną zaletą przedstawionych przeze mnie modeli populacji jest ich prostota i łatwość w zrozumieniu. Opisują one proste zależności między wzrostem populacji, a populacją środowiską oraz mogą być stosowane do opisywania zjawisk takich jak wyczerpywanie się zasobów czy brak pokarmu.

W A D Y

Mówi się, że modele te są jedynie pewną podstawą do rozważania na temat wzrostu populacji, gdyż nie uwzględniają one takich elementów jak choroby, kataklizmy czy konkurencja między populacjami, co stanowi ogromną wadę. Ponadto, elementy takie jak liniowy wskaźnik wzrostu populacji rosnący wraz z liczebnością (model Malthusa) oraz współczynnik śmierci rosnący wykładniczo z liczebnością (model Gombertza) ukazują, aby modele te brać z dystansem, gdyż wzory w nich zawarte rzadko mają przełożenie na świat rzeczywisty.