

PRZEDMIOT WYRÓWNAWCZY
semestr zimowy 2021/2022

Weronika Baranowska Kamil Łangowski

zadanie:	2a	2b	Σ
punkty:	30	30	30
wynik:			
efekty:			

1 Łańcuchy Markowa z czasem dyskretnym

1.1 Rozwiązania numeryczne dla modelu deterministycznego

Rozważamy model logistycznego wzrostu, w wersji deterministycznej:

$$\frac{dN}{dt} = rn\left(1 - \frac{n}{K}\right), \quad n(0) = n_0 > 0$$

gdzie

- N - wielkość populacji w chwili t ,
- r - intensywność wzrostu populacji,
- K - pojemność środowiska,

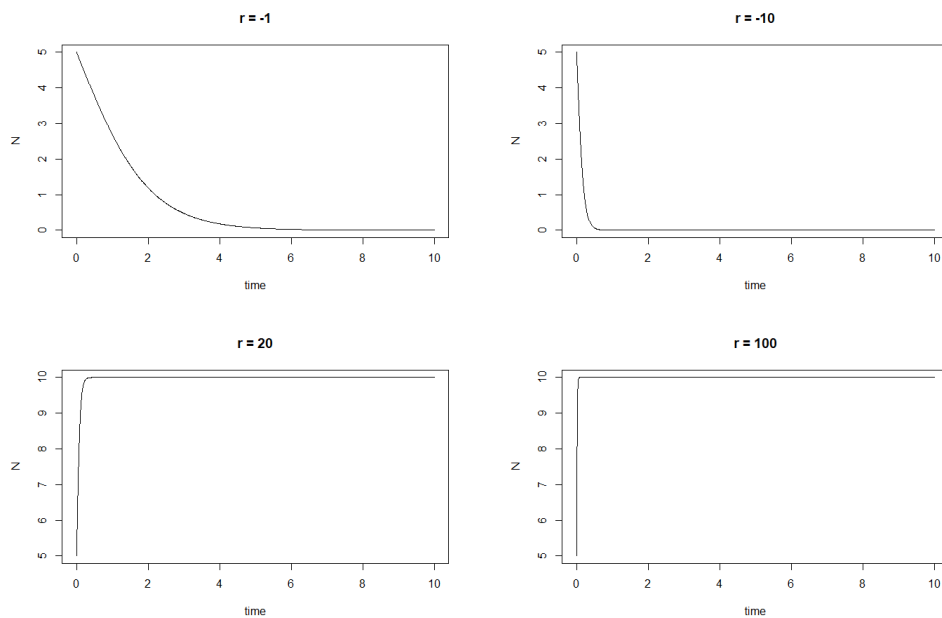
Rozwiązanie numeryczne modelu logistycznego przeprowadzamy za pomocą pakietu *deSolve* zadając różne warunki początkowe N oraz zmieniając parametry r , K .

Implementacja równania różniczkowego:

```
1 Logistyczny <-function(t, state, parameters) {  
2   with(as.list(c(state, parameters)),{  
3     # tempo zmiany  
4     dN <- r*N*(1-N/K)  
5  
6     # wartosc tempa zmiany  
7     list(dN)  
8   })  
9 }
```

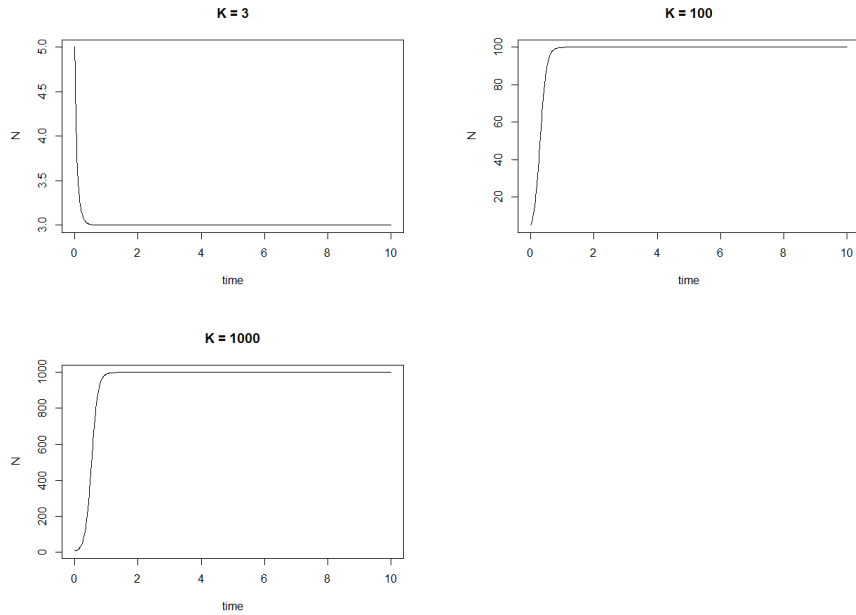
Analiza zmian dla poszczególnych wartości *parameters* oraz *state*:

- N , K - stałe, r - zmienna. Przyjmujemy $N = 5$ oraz $K = 10$.



- Współczynnik intensywności wzrostu populacji r jest wprost proporcjonalny do tempa zmiany osobników,
- Gdy $r < 0$ populacja maleje do zera, im mniejsze r tym szybciej osobniki wymierają,
- Gdy $r > 0$ populacja będzie się rozrastała, im większe r tym szybciej następuje tempo zmian, do momentu stabilizacji.

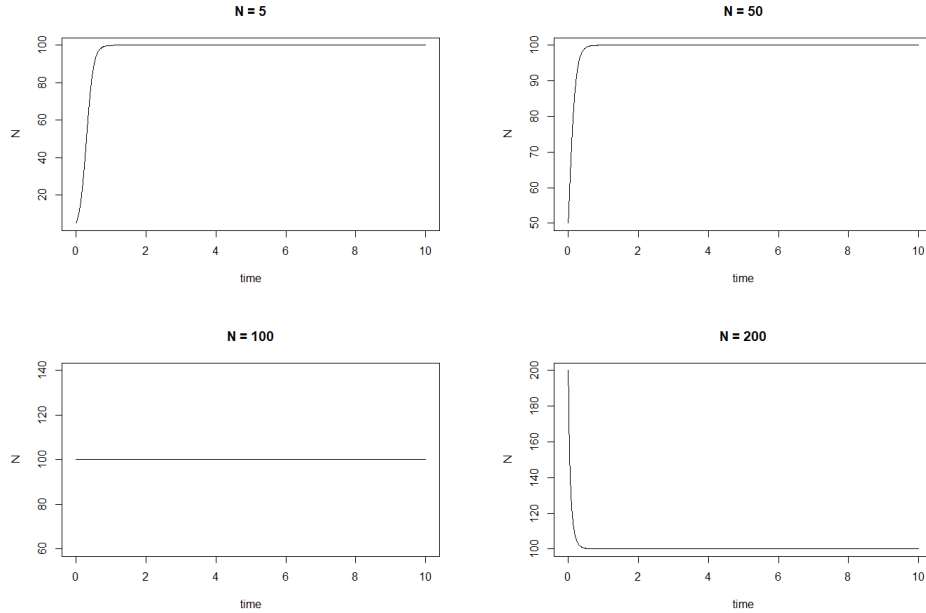
- N , r - stałe, K - zmienna. Przyjmujemy $N = 5$ oraz $r = 10$.



Zakładamy, że $K > 0$.

- Gdy pojemność środowiska jest mała np. $K = 3$, w bardzo krótkim czasie nie starcza jej dla całej populacji, co skutkuje wymieraniem osobników,
- Czym większe K , tym więcej zasobów otrzymują osobniki, a tym samym zwiększa się ich liczba, aż do momentu stabilizacji, tempo tej zmiany zmniejsza się w czasie wraz ze wzrostem pojemności.

- r , K - stałe, N - zmienna. Przyjmujemy $r = 10$ oraz $K = 100$.



Parametr N zależny od parametru K . Zakładamy, że $N > 0$.

- Dla $N < K$ populacja wzrasta do K ($\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = K$) proporcjonalnie, czym większe N tym tempo zmian następuje szybciej,
- Dla $N = K$ nie następuje, żadna zmiana, to znaczy, że populacja jest stała-nikt się nie rodzi ani umiera,
- Dla $N > K$ obserwujemy spadek populacji do zera, osobników jest zbyt dużo jak na daną im pojemność środowiskową, co powoduje ich wymieranie. Im większe N tym szybciej nastąpi wymarcie populacji.

1.2 Wartość oczekiwana oraz wariancja dla modelu stochastycznego

Dokonujemy 1000 symulacji trajektorii rozważanego procesu, a następnie z uzyskanych wyników wyznaczamy wartość oczekiwaną i wariancję dla chwili $t = 10$.

1. (i)

```
1 wyniki_t10_i <- numeric(1000)
2 for (i in 1:1000) {
3   x <- traj1(5,100)
4   wyniki_t10_i[i] <- x[floor(x[,2]) == 10, 1][1]
5 }
6 wartosc_oczekiwana_i <- mean(wyniki_t10_i)
7 wariancja_i <- var(wyniki_t10_i)
```

Uzyskane wyniki

Wartość oczekiwana	Wariancja
49.312	26.92959

2. (ii)

```
1 wyniki_t10_ii <- numeric(1000)
2 for (i in 1:1000) {
3   z <- traj2(5,100)
4   wyniki_t10_ii[i] <- z[floor(z[,2]) == 10, 1][1]
5 }
6 wartosc_oczekiwana_ii <- mean(wyniki_t10_ii)
7 wariancja_ii <- var(wyniki_t10_ii)
```

Uzyskane wyniki

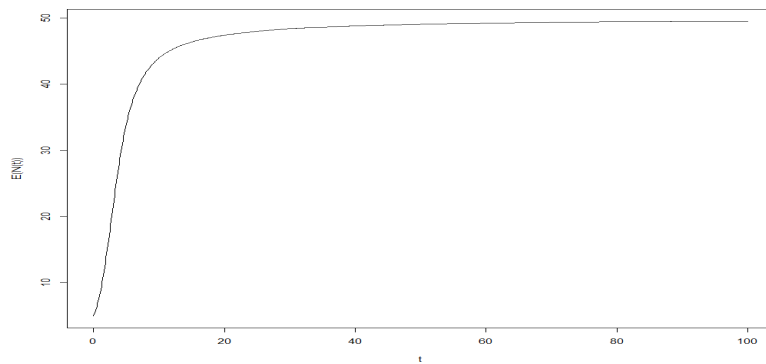
Wartość oczekiwana	Wariancja
48.649	49.78558

1.3 Funkcja wartości oczekiwanej oraz wariancji

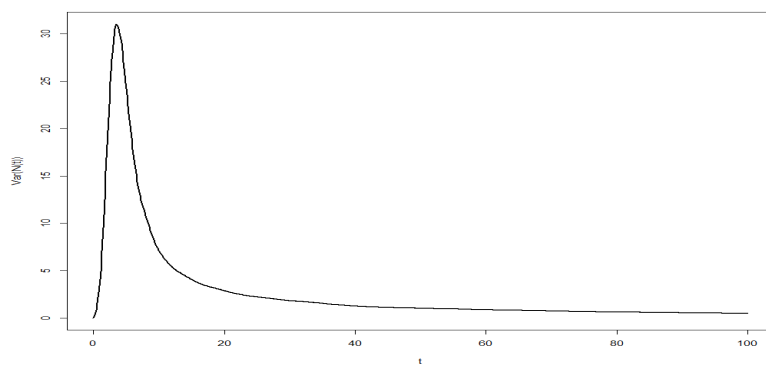
Za pomocą podziału odcinka $[0, T]$ dokonujemy wyznaczenia funkcji wartości oczekiwanej, a także wariancji.

```
1 sumy1 <- function(m, n0 , T, dt) {
2   # podzial odcinka czasu (dyskretyzacja)
3   dysk <- seq(0,T,by=dt)
4   # suma trajektorii na podziale odcinka
5   trajsuma <- numeric(length(dysk))
6   # suma kwadratow trajektorii na podziale odcinka
7   trajsuma2 <- numeric(length(dysk))
8
9   # petla odpowiadajaca za trajektorie (bedzie ich m)
10  for(i in 1:m){
11    wynik <- traj1(n0, T)
12    trajdysk <- sapply(dysk, function(x) mean(wynik[wynik[,2]<=x,
13      1]))
14    trajsuma <- trajsuma + trajdysk
15    trajsuma2 <- trajsuma2 + trajdysk^2
16  }
17  return(cbind(dysk, srednia=trajsuma/m, srednia2=trajsuma2/m))
18 }
19 # otrzymujemy dyskretny podzial czasu [0,T], srednia N(t) i srednia
20   kwadratow (N^2(t))
21 T <- 100
22 dt <- 0.1
23 m <- 1000
24 n0 <- 5
25 wynik1 <- sumy1(m,n0,T,dt)
26 # wartosc oczekiwana
27 plot(wynik1[,1], wynik1[,2], type='l', xlab='t', ylab='E(N(T))')
28
29 # wariancja = (EN)^2 - (E(N^2))
30 plot(wynik1[,1], wynik1[,3]-wynik1[,2]^2, type='l', lwd=2, xlab='t',
31   ylab='Var(N(T))')
```

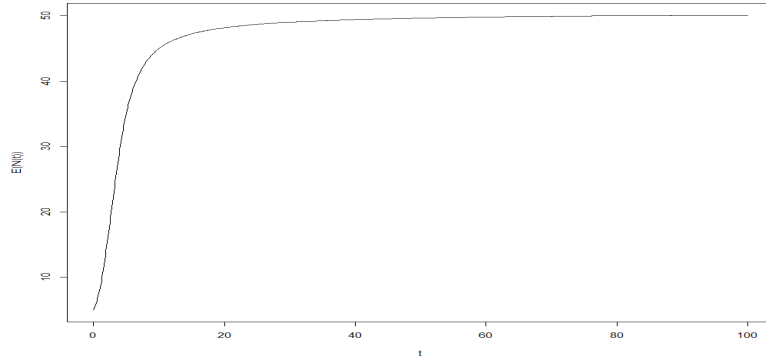
Uzyskane funkcje przedstawiono na poniższych rysunkach



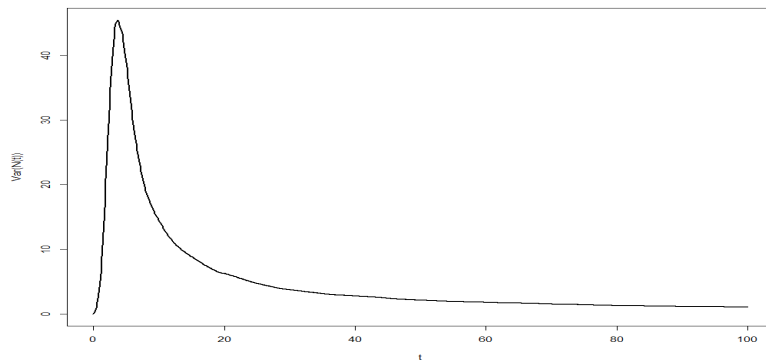
Rysunek 1: Funkcja wartości oczekiwanej dla (i).



Rysunek 2: Funkcja wariancji dla (i).



Rysunek 3: Funkcja wartości oczekiwanej dla (ii).

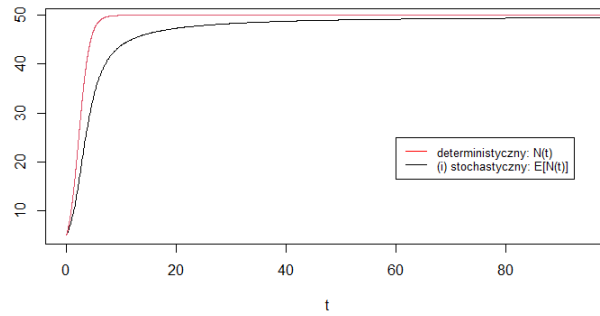


Rysunek 4: Funkcja wariancji dla (ii).

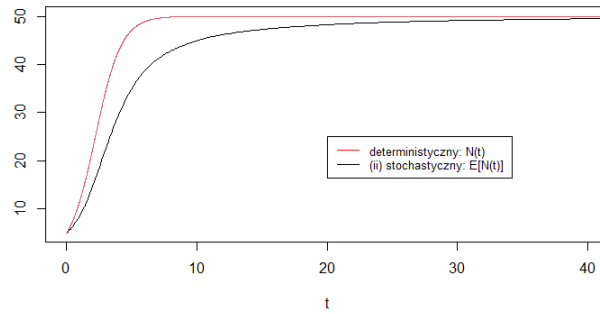
1.4 Porównanie wartości oczekiwanych

Do porównania wartości oczekiwanych nakładamy na wykres funkcji $E(N(t))$ rozwiązanie deterministyczne. Przyjmujemy $n_0 = N = 5$, $T = 100$ oraz $r = 1$, ponieważ dla stochastycznych modeli przybywa bądź ubywa o jednego osobnika, a także $K = 50$.

- dla wersji (i)



- dla wersji (ii)

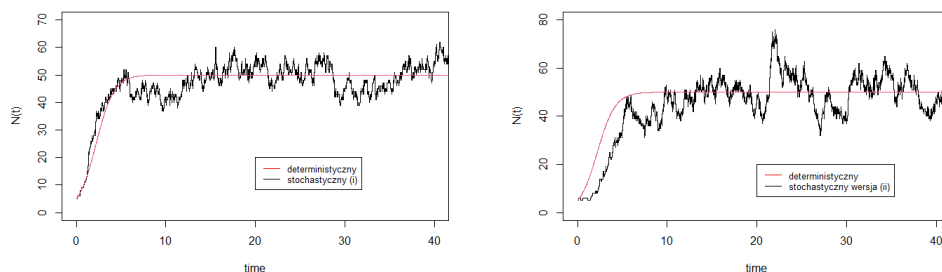


1.5 Model deterministyczny, a stochastyczny-podsumowanie

1. Różnica pomiędzy modelami stochastycznymi, a modelem deterministycznym.

Porównując funkcje wartości oczekiwanych z modelem deterministycznym widzimy, że obie funkcje zbiegają do modelu deterministycznego. Wersja (i) osiąga rozwiązanie w dłuższym czasie niż wersja (ii). Jednakże funkcja wartości oczekiwanej (i) jest bliższa funkcji rozwiązania deterministycznego niż funkcja (ii). Podstawową różnicą tych modeli jest także sposób w jaki zmienia się liczba osobników. Czyli o jedną osobą w modelu stochastycznym oraz o "jakąś część" osoby w modelu deterministycznym.

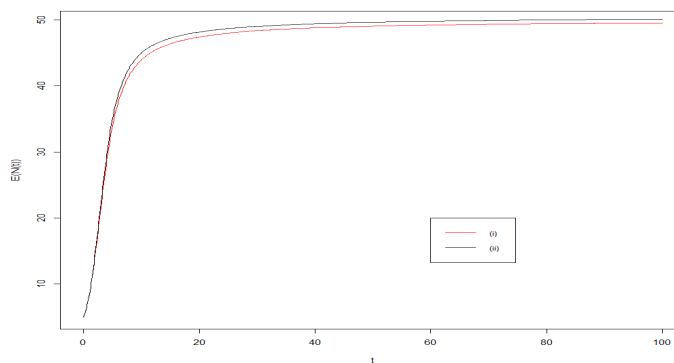
Porównanie modeli na wykresie:



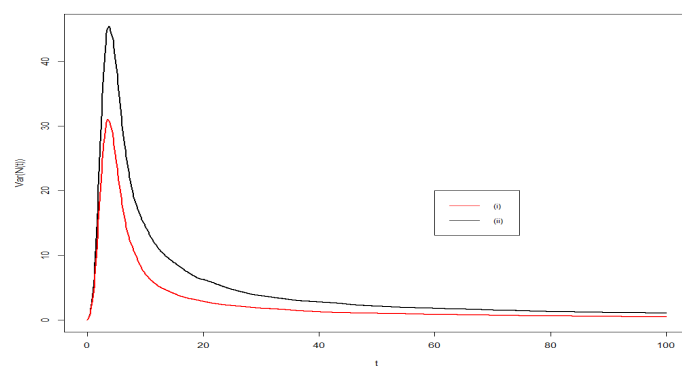
2. Różnice pomiędzy modelami stochastycznymi wersja (i), a wersja (ii).

Wersja	Wartość oczekiwana	Wariancja
(i)	49.312	26.92959
(ii)	48.649	49.78558

Modele mają zbliżoną do siebie wartość oczekiwaną, natomiast w bardzo dużym stopniu różnią się wariancją. Wersja (i) ma wariancję znacznie mniejszą od modelu (ii). Wynika to ze wzorów funkcji, którymi są one zadane. Pierwszy model ma ograniczoną intensywność pojawienia się nowych osobników $i > 100$, natomiast drugi model nie jest ograniczony z góry, zatem jego losowość jest większa, tym samym wariancja. Powyższe wnioski możemy zaobserwować na wykresach porównujących funkcje wartości oczekiwanych i wariancji dla obu modeli.



Rysunek 5: Porównanie funkcji wartości oczekiwanej.



Rysunek 6: Porównanie funkcji wariancji.