

Relazione Lotka Volterra Michele Mancusi

Introduzione all'equazioni di Lotka-Volterra:

È stato sviluppato il programma in questione al fine di studiare le Equazioni di Lotka-Volterra, note anche come equazioni preda-predatore, le quali sono un sistema di equazioni differenziali non lineari del primo ordine.

Tali equazioni forniscono un modello matematico in grado di descrivere la dinamica di un ecosistema in cui interagiscono soltanto due specie animali: una delle due come predatore, l'altra come la sua preda. Questa modellizzazione matematica è stata proposta indipendentemente da Lotka nel 1925 e Volterra nel 1926.

Le equazioni in questione sono:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = (a - by)x \\ \frac{dy}{dt} = (-c + dx)y \end{cases}$$

$x(t)$ rappresenta il numero di prede al tempo t , mentre $y(t)$ rappresenta il numero di predatori al tempo t .

Le derivate $\frac{dx}{dt}$ e $\frac{dy}{dt}$ rappresentano i tassi di crescita nel tempo delle popolazioni di prede e predatori, quindi le velocità con cui variano del tempo le due popolazioni. I parametri a, b, c, d sono coefficienti positivi che descrivono come interagiscono tra loro le due specie: a rappresenta il tasso di crescita naturale della popolazione preda; b il coefficiente di impatto della predazione sulle prede. Per quanto riguarda i predatori, invece, assumiamo che c rappresenti il tasso di mortalità dei predatori e d il coefficiente di efficienza della predazione sulle prede.

Il modello di Lotka-Volterra formula una serie di ipotesi riguardanti l'ambiente e l'evoluzione delle popolazioni di predatori e prede:

La popolazione preda trova ampio cibo a tutte le ore.

L'approvvigionamento alimentare della popolazione predatrice dipende interamente dalla dimensione della popolazione predata.

La velocità di variazione della popolazione è proporzionale alle sue dimensioni.

Durante il processo, l'ambiente non cambia in favore di una specie e l'adattamento genetico è sufficientemente basso.

I predatori hanno appetito senza limiti.

Così come sono utilizzate le equazioni differenziali, la soluzione è deterministica e continua. Questo, a sua volta, implica che le generazioni sia dei predatori che delle prede sono continuamente sovrapposte.

Oltre al modello sopra descritto sono state studiate anche altre sue varianti con altrettanti sistemi di equazioni differenziali simili al precedente.

Descrizione del programma:

Il programma integra il sistema di equazioni differenziali sopra descritto. Una volta avviato chiede all'utente quale dei quattro modelli proposti desidera studiare: Modello classico, con piccole perturbazioni, con competizione intraspecie, o modello con pesca indiscriminata. In seguito il programma chiede in che modo l'utente desidera procedere, cioè se i coefficienti sopra descritti, le condizioni iniziali e il passo di integrazione debbano essere scelti dall'utente, utilizzati quelli predefiniti oppure scelti a caso in un intervallo compreso tra 0 e 20. Dopo aver scelto la configurazione desiderata il programma stampa su schermo i punti equilibrio del sistema scelto con le relative matrici jacobiane calcolate in tali punti.

Inoltre crea diversi file: uno (LV%.dat dove % può essere 'std', 'sp' o 'fish') contiene i valori delle prede e dei predatori ad ogni istante di tempo e l'hamiltoniana del sistema (costante del moto), un file (LVerr.dat) i dati necessari allo studio dell'errore dell'algoritmo d'integrazione e un altro (LVfun.dat) i dati necessari per poter graficare la funzione H(x,y) hamiltoniana del sistema. (Si avverte che a seconda della configurazione scelta alcuni file o alcuni dati possono non essere prodotti).

I valori predefiniti sono stati scelti in modo da far visualizzare, in maniera indicativa al lettore, una delle possibilità in cui il sistema può evolvere, ma naturalmente non le esaurisce tutte quante.

Per studiare tale sistema è stato utilizzato come algoritmo di integrazione Runge-Kutta di ordine quattro. Ci si aspetta dunque che l'errore commesso sulla quantità conservata H ad un determinato tempo t definito come $\frac{H(t)-H(t_0)}{H(t_0)}$ in funzione di dt sia di grado 4, e dunque una retta con coefficiente angolare 4 su carta doppio logaritmica.

L'algoritmo utilizzato è il seguente:

$$\dot{x} = f(x, y, t)$$

$$\dot{y} = g(x, y, t)$$

Dove

$$\dot{x} = x(a - by)$$

$$\dot{y} = y(-c + dx)$$

$$k1 = f(x_n, y_n, t_n),$$

$$l1 = g(x_n, y_n, t_n),$$

$$k2 = f(x_n + \frac{1}{2}dt \cdot k1, y_n + \frac{1}{2}dt \cdot l1, t_n + \frac{1}{2}dt),$$

$$l2 = g(x_n + \frac{1}{2}dt \cdot k1, y_n + \frac{1}{2}dt \cdot l1, t_n + \frac{1}{2}dt),$$

$$k3 = f(x_n + \frac{1}{2}dt \cdot k2, y_n + \frac{1}{2}dt \cdot l2, t_n + \frac{1}{2}dt),$$

$$l3 = g(x_n + \frac{1}{2}dt \cdot k2, y_n + \frac{1}{2}dt \cdot l2, t_n + \frac{1}{2}dt),$$

$$k4 = f(x_n + dt \cdot k3, y_n + dt \cdot l3, t_n + dt),$$

$$l4 = g(x_n + dt \cdot k3, y_n + dt \cdot l3, t_n + dt),$$

$$t_{n+1} = t_n + dt$$

$$x_{n+1} = x_n + \frac{1}{6}dt(k1 + 2 \cdot k2 + 2 \cdot k3 + k4)$$

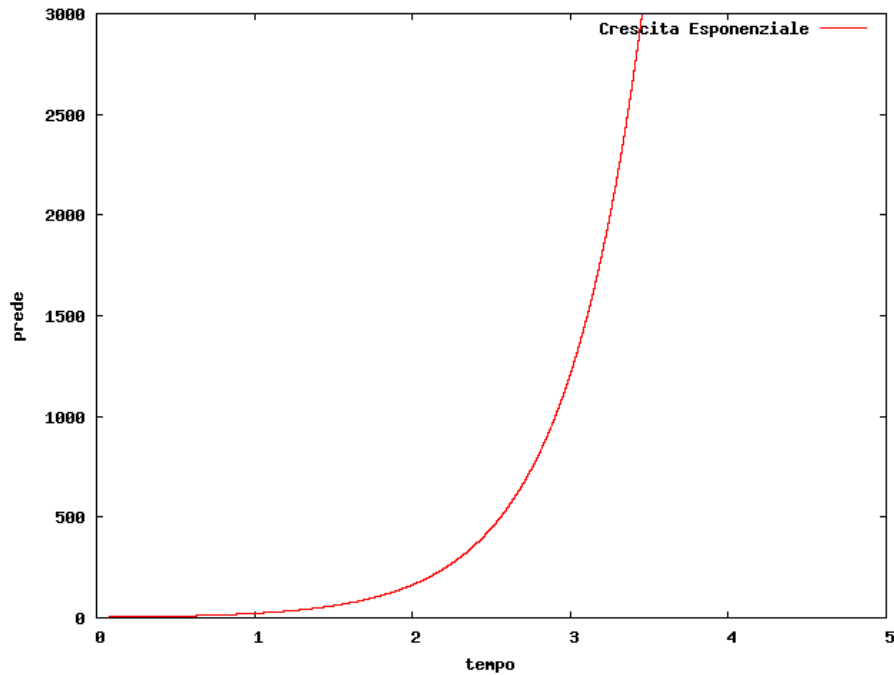
$$y_{n+1} = y_n + \frac{1}{6}dt(l1 + 2 \cdot l2 + 2 \cdot l3 + l4)$$

MODELLO CLASSICO.

Il primo modello studiato è il sistema di equazioni di Lotka-Volterra sopra descritto.

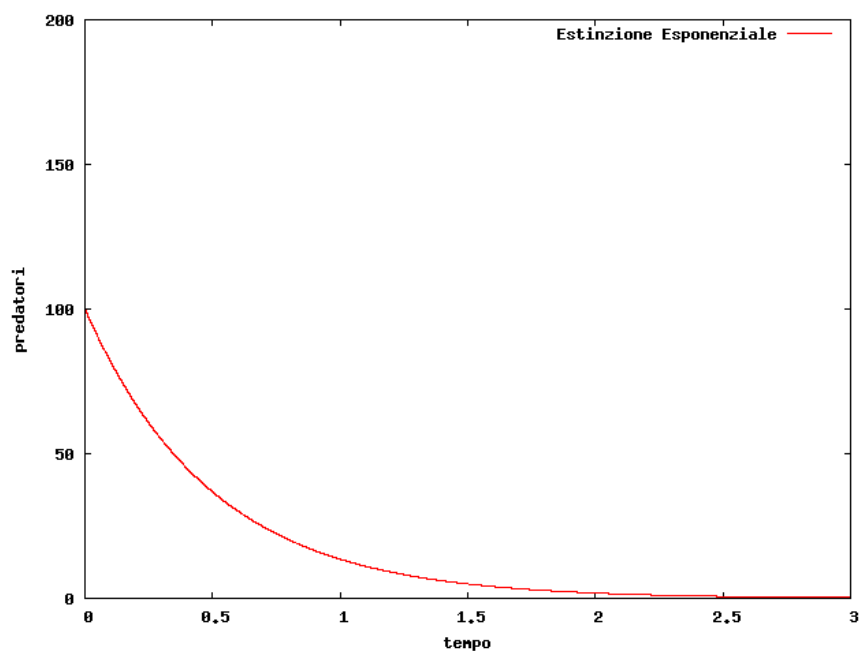
Si noti che in assenza dei predatori ($y_0=0$), le prede crescerebbero esponenzialmente secondo il modello malthusiano, infatti essendo $y = 0 \Rightarrow \dot{x} = ax$ la cui soluzione è $x = x_0 e^{at}$, infatti integrando con il

programma sviluppato e ponendo come condizione iniziale $y_0=0$ il risultato è una crescita esponenziale delle prede.



Lo stesso vale per i predatori, infatti in assenza di prede essi si estinguerebbero in maniera esponenziale:

infatti ponendo $x_0=0$ la soluzione dell'equazione riguardante i predatori risulta essere $y = y_0 e^{-ct}$, indicando un estinzione esponenziale, così come si può anche evincere dal grafico sotto riportato



Il sistema sopra descritto ha due punti critici. Il primo è nell'origine, mentre il secondo si trova nel primo quadrante. Si ha un punto di equilibrio nelle popolazioni quando il livello di entrambe rimane costante, cioè quando $x(t) = x_0$ e $y(t) = y_0$ per ogni tempo t , e di conseguenza le derivate $x'(t)$ e $y'(t)$ sono uguali a zero. Sostituendo questi valori nelle equazioni si ottengono le seguenti relazioni: Per trovare tali punti

bisogna risolvere il sistema $\begin{cases} 0 = (a - by)x \\ 0 = (-c + dx)y \end{cases}$ Risolvendo questo sistema di equazioni si trovano due soluzioni per la coppia (x_0, y_0) corrispondenti a due punti di equilibrio:

$$(x_0, y_0) = (0, 0) \text{ e } (x_0, y_0) = \left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right)$$

Nel primo caso naturalmente se le due popolazioni hanno 0 individui allora continueranno ad avere 0 individui in ogni istante successivo. Il secondo corrisponde invece alla situazione in cui i predatori incontrano e mangiano, in ogni unità di tempo, un numero di prede esattamente uguale al numero di prede che nascono, e questo numero di prede corrisponde proprio alla soglia critica di cibo che fa rimanere stazionaria la popolazione dei predatori.

La stabilità dei punti di equilibrio può essere determinata linearizzando il sistema utilizzando la matrice jacobiana del modello preda-predatore:

$$J(x, y) = \begin{bmatrix} a - by & -bx \\ dy & dx - c \end{bmatrix}$$

La matrice Jacobiana calcolata nel primo punto di equilibrio $(0, 0)$ è:

$$J(0, 0) = \begin{bmatrix} a & 0 \\ 0 & -c \end{bmatrix}$$

Gli autovalori di questa matrice sono $\lambda_1 = a$ e $\lambda_2 = -c$. Dato che a e c sono quantità positive, i segni dei due autovalori sono sempre diversi. Dunque il punto di equilibrio nell'origine è un **punto di sella**. Se fosse un punto di equilibrio stabile, valori di popolazione diversi da zero potrebbero essere **attratti** da esso, e perciò la dinamica del sistema porterebbe all'estinzione di entrambe le specie per molti valori iniziali delle popolazioni. Dal momento che il punto è di sella, l'equilibrio è instabile e l'estinzione di entrambe le specie è quindi difficile (può accadere solo se le prede vengono estinte completamente in modo artificiale, provocando la morte dei predatori a causa della mancanza di cibo. Se invece sono i predatori ad essere estinti, la popolazione delle prede cresce senza limite in questo semplice modello).

La matrice jacobiana calcolata nel secondo punto di equilibrio è:

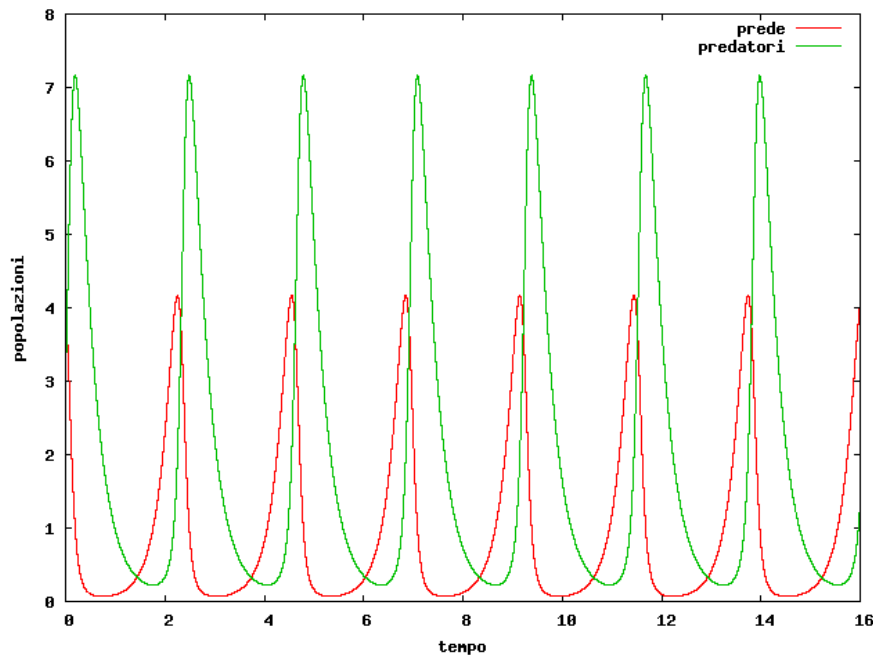
$$J\left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right) = \begin{bmatrix} 0 & -\frac{bc}{d} \\ \frac{ad}{b} & 0 \end{bmatrix}$$

Gli autovalori di questa matrice sono:

$$\lambda_1 = i\sqrt{ac} \text{ e } \lambda_2 = -i\sqrt{ac}$$

poiché la parte reale degli autovalori è nulla siamo in un caso particolare e non si possono trarre conclusioni dall'analisi lineare. Tuttavia, il sistema ammette una costante del moto $H(x, y)$ e le curve di livello di questa funzione sono traiettorie chiuse che circondano il punto fisso. Di conseguenza, le traiettorie delle popolazioni di prede e predatori, oscillano intorno a questo punto fisso. La funzione H ha un minimo corrispondente al punto di equilibrio stabile ed è convessa sul primo quadrante, da cui si può dedurre che in una situazione generica con due popolazioni iniziali x e y il sistema ha un comportamento oscillante che torna periodicamente nello stato iniziale, con oscillazioni anche molto grandi. Da quanto appena detto possiamo quindi concludere che il punto di equilibrio $(x_0, y_0) = \left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right)$ risulta essere stabile.

Le soluzioni di questo sistema non possiedono un'espressione semplice in termini di funzioni trigonometriche, ma si può osservare che nel tempo sia la popolazione delle prede che quella dei predatori seguono un'evoluzione periodica

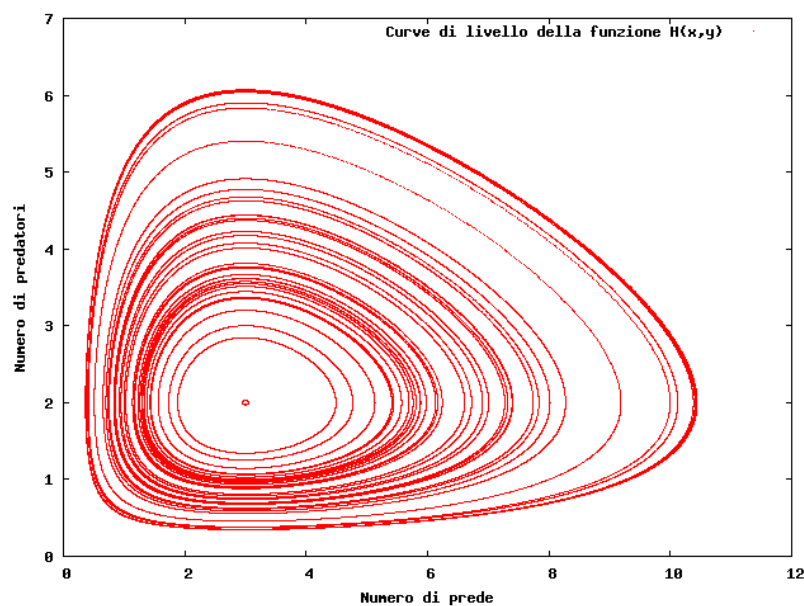


Qui sopra è riportato il grafico dell'evoluzioni nel tempo delle popolazioni di prede e di predatori.

Nelle situazioni di non-equilibrio, dunque, si ha che i predatori prosperano quando c'è abbondanza di prede ma, alla lunga, si ritrovano senza cibo sufficiente per sfamare l'intera popolazione e cominciano ad estinguersi. Mentre la popolazione dei predatori decresce quella delle prede aumenta di nuovo; questa dinamica continua in un ciclo di crescita e decrescita.

Si possono anche plottare le soluzioni senza rappresentare il tempo, ma con un asse che rappresenta il numero delle prede e l'altro che rappresenta il numero di predatori. Le soluzioni sono curve chiuse, e vi è una quantità che si conserva ad ogni curva:

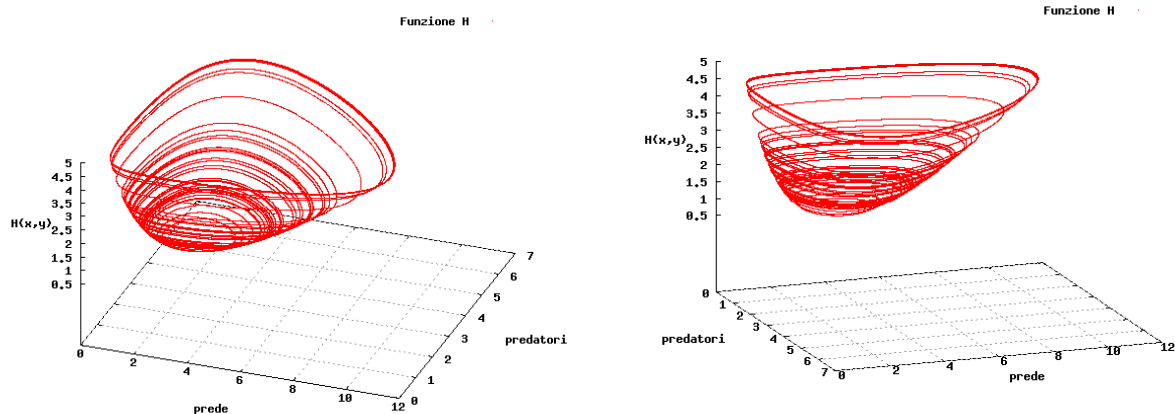
$$H(x, y) = dx - c \cdot \ln(x) + by - a \cdot \ln(y)$$



Il grafico (x,y) sopra riportato mostra alcune orbite del modello di Lotka - Volterra corrispondenti a curve di livello della funzione $H(x,y)$, tutte le traiettorie del sistema nello spazio x-y giacciono sulle curve di livello della funzione H .

Inoltre tramite il programma è stato possibile ricostruire la funzione $H(x,y)$ in maniera tridimensionale rappresentando sugli assi x ed y il numero di prede e predatori e sull'asse z il valore della costante H corrispondente. Per fare ciò si sono lasciati invariati i coefficienti a,b,c,d,e si sono variate le condizioni iniziali x_0,y_0 , ricostruendo così le varie curve di livello e calcolando per ogni curva il valore della costante H corrispondente.

Di seguito è riportato il grafico tridimensionale della funzione $H(x,y)$.



COMPETIZIONE INTRASPECIE

In seguito è stato studiato un sistema leggermente diverso dal sistema Lotka-Volterra sopra descritto. Infatti sono state introdotte delle piccole perturbazioni all'interno del sistema ed è stato visto come esso evolveva. Il sistema così generato può essere espresso dalle seguenti equazioni differenziali:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = x(a - by - \varepsilon_1 x) \\ \frac{dy}{dt} = y(-c + dx - \varepsilon_2 y) \end{cases}$$

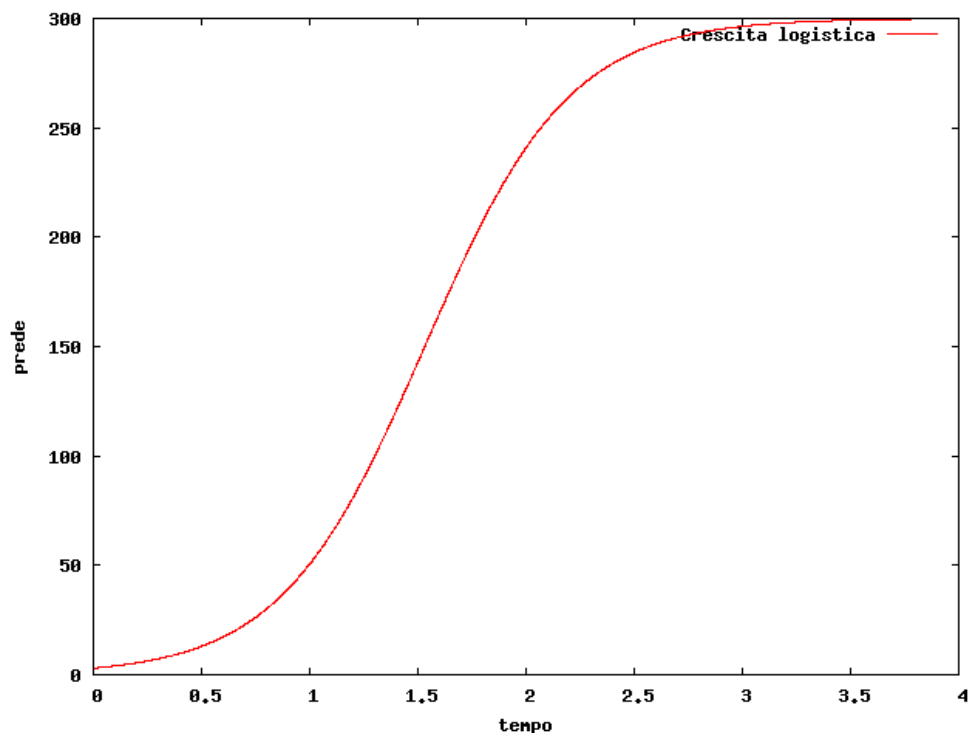
Questo sistema si presenta uguale al precedente ma con l'aggiunta, in entrambe le equazioni, di un termine: rispettivamente $-\varepsilon_1 x$ per la prima equazione $-\varepsilon_2 y$ per la seconda. I parametri ε_2 e ε_1 possono essere considerati come dei coefficienti di interferenza nelle due specie, i quali interferiscono con il normale andamento della popolazione determinando una progressiva riduzione della popolazione.

In questo caso i parametri ε_2 e ε_1 rappresentano dei coefficienti di competizione all'interno della stessa specie: infatti mentre ci sono sempre due popolazioni, una di prede l'altra di predatori, che interagiscono tra loro normalmente (una cibandosi dell'altra), esiste all'interno della stessa specie una concorrenza che danneggia gli individui della stessa popolazione, quindi la specie stessa e questi due coefficienti rappresentano quanto feroce possa essere la concorrenza, sia all'interno delle prede, sia all'interno dei predatori, entrambi ad esempio nel procurarsi il cibo, o a sopravvivere. Inoltre nel sistema classico la popolazione, come abbiamo già detto, crescerebbe esponenzialmente in assenza dei predatori. In questo nuovo sistema, la crescita esponenziale è stata sostituita con una più verosimile crescita logistica (se il termine ε_1 non risulta essere troppo grande): All'inizio la crescita è quasi esponenziale, successivamente rallenta, diventando quasi lineare, per raggiungere una posizione asintotica dove non c'è più crescita.

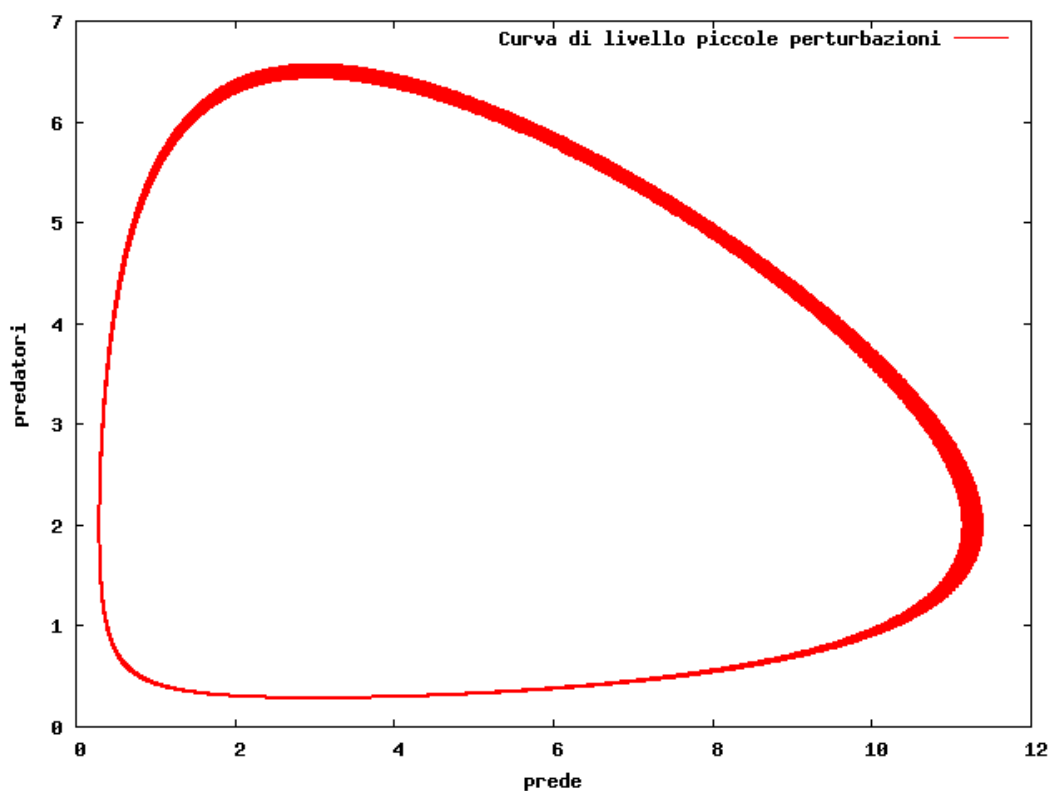
Anche in questo modello i coefficienti **a,b,c,d** hanno lo stesso significato biologico che avevano nel modello classico Lotka-Volterra.

In questo caso non è nata una quantità conservata o costante del moto.

Di seguito è riportato il grafico del numero di prede in funzione del tempo, esso rappresenta una crescita logistica delle prede in assenza di predatori ($y_0=0$).



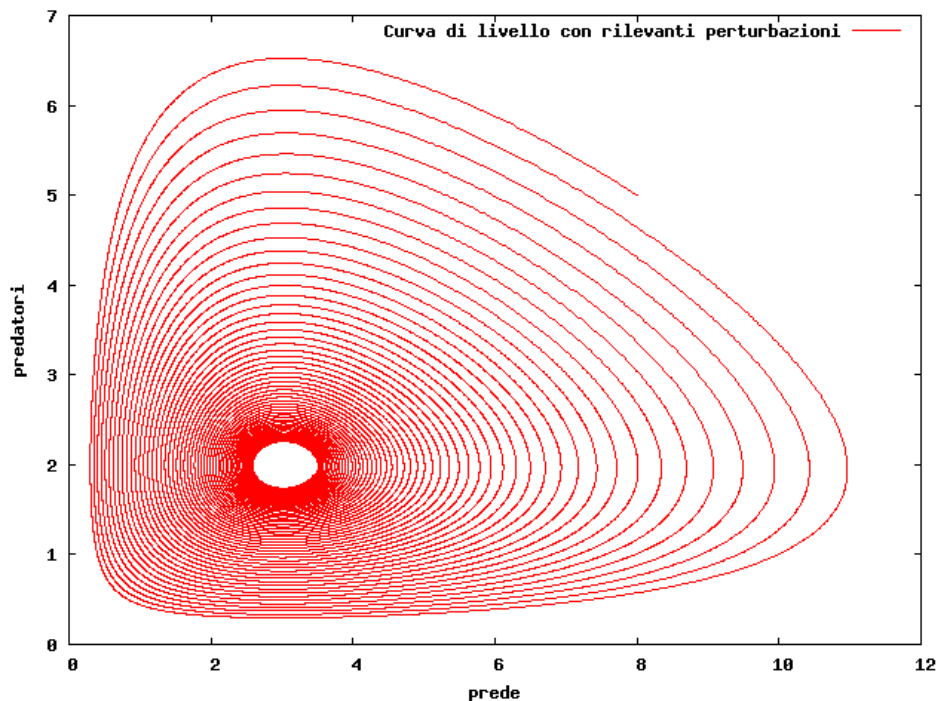
Di seguito è riportato il grafico dei predatori in funzione delle prede sviluppato a partire dal sistema lievemente perturbato sopra riportato (ponendo ε_2 e ε_1 pari a 0.0001). Come si può notare la figura risulta avere un contorno più “spesso”: infatti queste perturbazioni, seppur lievi, tendono a far tendere il sistema verso un punto di equilibrio, anche se molto lentamente, tracciando quindi una leggera spirale.



I punti di equilibrio sono stati ottenuti come nel modello precedente ponendo entrambe le derivate uguali a zero, i punti di equilibrio ottenuti sono:

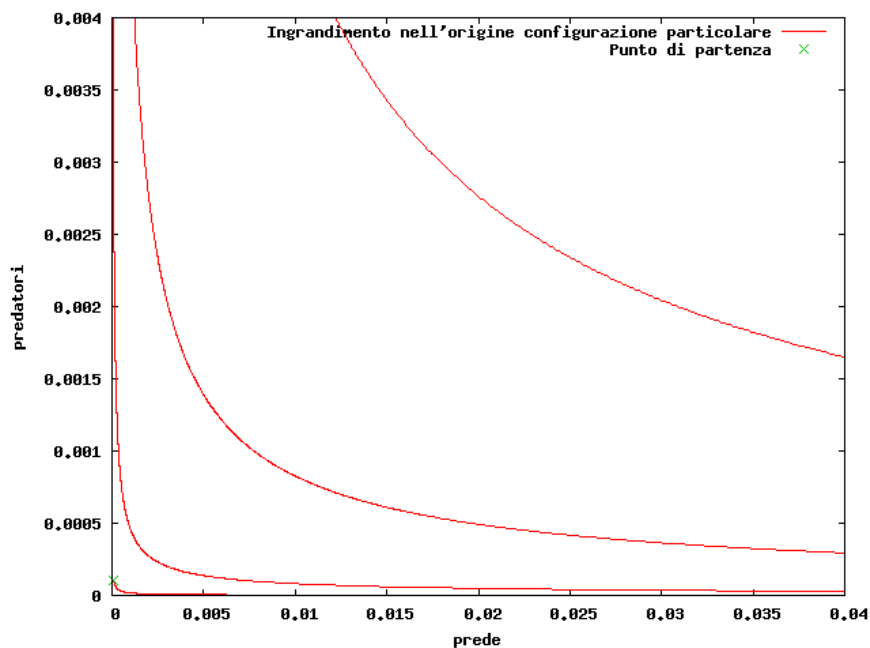
- $(x, y) = \left(\frac{a\varepsilon_2 + bc}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1}, \frac{ad - c\varepsilon_1}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1} \right)$ se solo se $bd + \varepsilon_2\varepsilon_1 \neq 0$ e $b \neq 0$;
- $(x, y) = (0, 0)$;
- $(x, y) = \left(0, -\frac{c}{\varepsilon_2} \right)$;
- $(x, y) = \left(\frac{a}{\varepsilon_1}, 0 \right)$.

Senza ricorrere allo studio della matrice jacobiana cerchiamo di vedere se questo è un punto di equilibrio stabile:

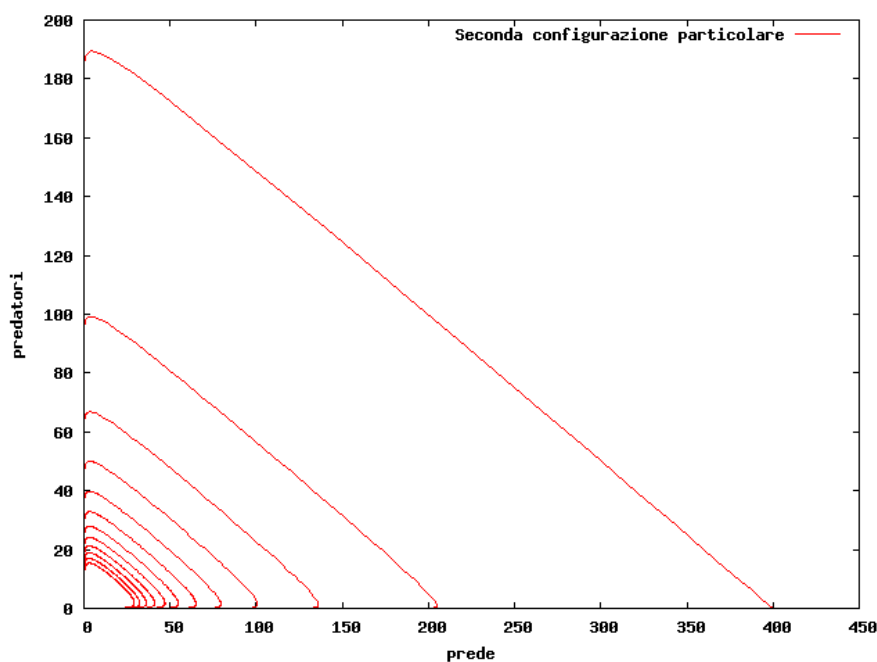


Dal grafico possiamo vedere che la traiettoria è ciclica intorno al primo punto di equilibrio, verso cui converge, questo significa che il punto di equilibrio è stabile (anche senza studiare la matrice jacobiana). Questa seconda configurazione è stata ottenuta aumentando il valore delle perturbazioni (ponendo ε_2 e ε_1 pari a 0.01) ottenendo così una figura a spirale molto più pronunciata della precedente, in cui le due popolazioni tendono al punto di equilibrio situato in $(x, y) = \left(\frac{a\varepsilon_2 + bc}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1}, \frac{ad - c\varepsilon_1}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1} \right)$.

Un'altro punto di equilibrio è il punto $(x, y) = (0, 0)$, ma si può facilmente vedere dal grafico sottostante che esso non è di equilibrio stabile, infatti si può osservare che anche con un condizioni iniziali vicine al punto $(0, 0)$, (in questo caso è posto $x_0 = y_0 = 0.0001$) la traiettoria non converge a questo punto ma al precedente. Questo conferma l'instabilità del punto $(0, 0)$.

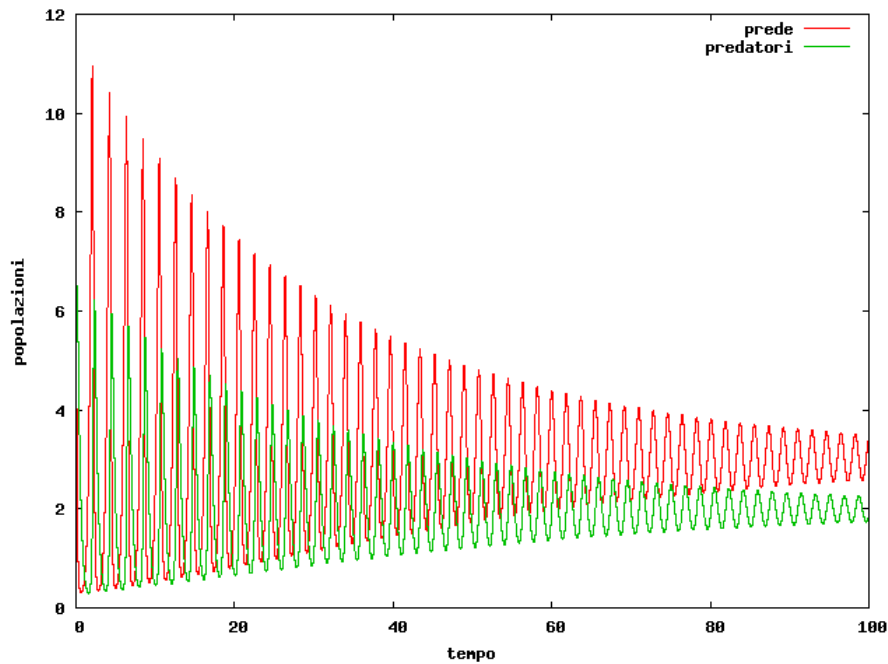


Lo stesso ragionamento può essere adottato anche per il quarto punto di equilibrio, infatti si può vedere dal seguente grafico che anche partendo molto vicino al punto di equilibrio $(400,0)$ con condizioni iniziali $(400.0001, 0.0001)$, esso non converge al punto di equilibrio in questione, ma al primo punto studiato:



Il terzo punto di equilibrio invece non ha senso studiarlo perché non ha significato biologico (poiché richiede un numero di predatori negativo).

Di seguito è riportato il grafico delle popolazioni di prede e predatori in funzione del tempo: possiamo vedere che entrambe le popolazioni oscillano, con oscillazioni sempre più smorzate. L'ampiezza di queste oscillazioni non rimane costante ma tende a diminuire, come si può evincere dal grafico entrambe le popolazioni tendendo al



In quest'ultimo caso particolare $a = 4$, $b = 2$, $c = 3$, $d = 1$;

I punti di equilibrio sono (con $\varepsilon_2 = 0.0001$ e $\varepsilon_1 = 0.0001$) :

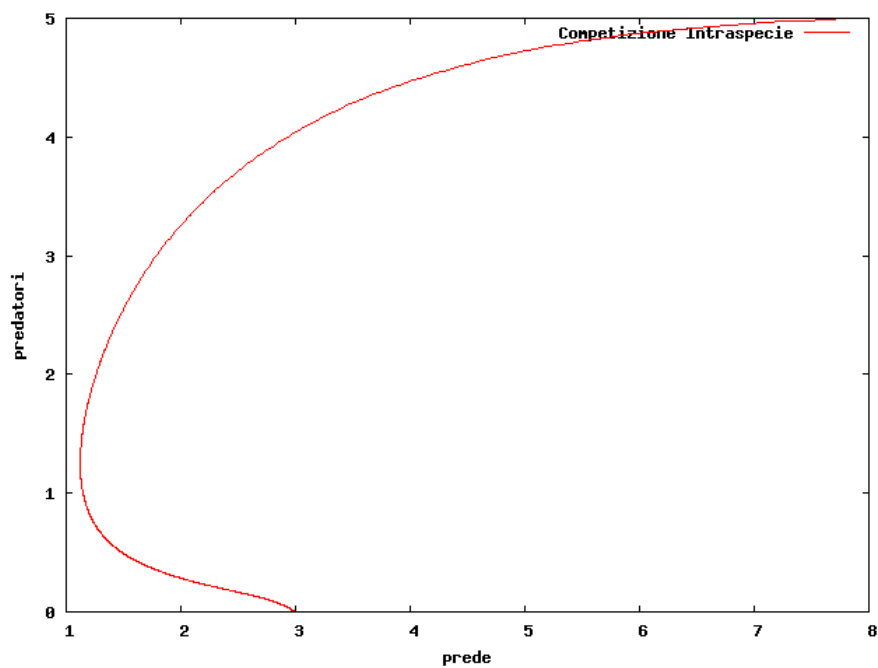
- $(x, y) = (3.0002, 1.99985)$
- $(x, y) = (0, 0)$;
- $(x, y) = (0, -30000)$;
- $(x, y) = (40000, 0)$.

Invece sono (con $\varepsilon_2 = 0.01$ e $\varepsilon_1 = 0.01$) :

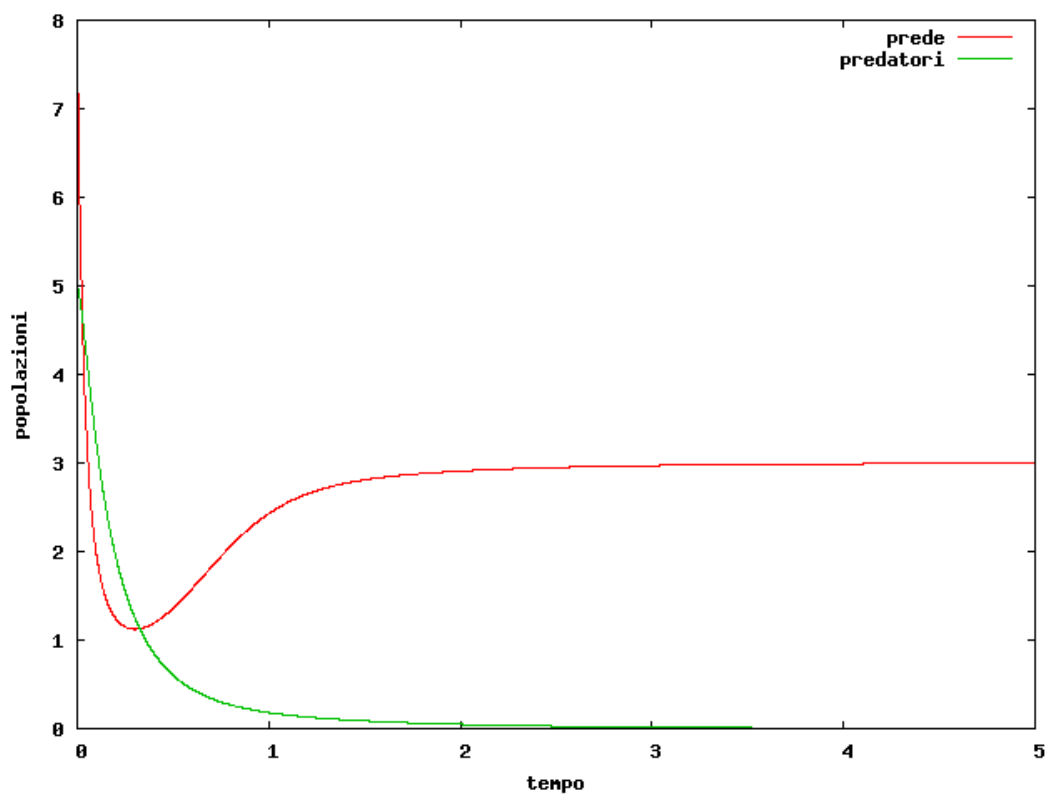
- $(x, y) = (3.019849, 1.984901)$
- $(x, y) = (0, 0)$;
- $(x, y) = (0, -300)$;
- $(x, y) = (400, 0)$.

È interessante anche vedere come si comporta il sistema per valori di ε_2 e ε_1 più alti ($\varepsilon_2 = 1$ e $\varepsilon_1 = 2$), dello stesso ordine di grandezza degli altri coefficienti a, b, c, d .

In questo caso la competizione tra le volpi è così forte a tal punto da estinguere le volpi stesse, mentre quella tra le prede è tale da mantenere la popolazione costante nel tempo una volta arrivata al punto di equilibrio. Infatti all'inizio sia le prede che i predatori diminuiscono, ma, mentre quella dei predatori diminuisce fino ad estinguersi, ad un certo punto il numero delle prede inverte carattere ed inizia a risalire arrivando al punto di equilibrio (in questo caso $(3, 0)$). Con questa configurazione di parametri il punto di equilibrio stabile è $(x, y) = \left(\frac{a}{\varepsilon_1}, 0\right)$ e non più $(x, y) = \left(\frac{a\varepsilon_2 + bc}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1}, \frac{ad - c\varepsilon_1}{bd + \varepsilon_2\varepsilon_1}\right)$, poiché in questo caso quest'ultimo punto ha coordinata y negativa (quindi non ha senso biologico). Questo dimostra che nel caso precedente il punto $(x, y) = \left(\frac{a}{\varepsilon_1}, 0\right)$ era instabile, mentre in questo caso risulta stabile, quindi possiamo affermare che esso è in realtà un punto di sella.



Di seguito il grafico dell'andamento delle popolazioni in funzione del tempo.



In quest'ultimo caso particolare $a = 6$, $b = 3$, $c = 4$, $d = 1$, $\varepsilon_2 = 1$ e $\varepsilon_1 = 2$;

I punti di equilibrio sono:

- $(x, y) = (3.6, -0.4)$
- $(x, y) = (0, 0)$;
- $(x, y) = (0, -4)$;
- $(x, y) = (3, 0)$.

MODELLO SUPER-PREDATORE (o con pesca)

In natura la distinzione tra prede e predatori non è sempre netta, i predatori, ad esempio, possono essere a loro volta cacciati da una specie più forte. Spesso è utile tenere conto della presenza di un predatore esterno in grado di cacciare entrambe le popolazioni dell'ecosistema.

Una situazione concreta è quella della pesca; durante questa pratica l'uomo caccia indistintamente due specie diverse di pesci: una predatrice e l'altra predata

Per modellizzare questa situazione è stato studiato questo sistema:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = x(a - by - e) \\ \frac{dy}{dt} = y(-c + dx - e) \end{cases}$$

Infatti possiamo immaginare che la pesca comporti il prelievo di individui in modo additivo e proporzionale ad un parametro costante (**e o f**), necessario a descrivere la pressione dell'uomo sul sistema.

I punti di equilibrio sono:

- $(x, y) = (0, 0)$
- $(x, y) = \left(\frac{c+f}{d}, \frac{a-e}{b}\right);$

La stabilità dei punti di equilibrio può essere determinata linearizzando il sistema utilizzando la matrice jacobiana del modello preda-predatore:

$$J(x, y) = \begin{bmatrix} a - by - e & -bx \\ dy & dx - c - e \end{bmatrix}$$

La matrice Jacobiana calcolata nel primo punto di equilibrio (0,0) è:

$$J(0,0) = \begin{bmatrix} a - e & 0 \\ 0 & -c - f \end{bmatrix}$$

Gli autovalori di questa matrice sono $\lambda_1 = 1 = \lambda_2$. Dato che almeno un autovalore della matrice **J** ha parte reale positiva, allora il punto (0,0) è instabile.

La matrice jacobiana calcolata nel secondo punto di equilibrio è:

$$J\left(\frac{c+f}{d}, \frac{a-e}{b}\right) = \begin{bmatrix} 0 & -\frac{b(c+f)}{d} \\ \frac{d(a-e)}{b} & 0 \end{bmatrix}$$

Gli autovalori di questa matrice sono:

$$\lambda_1 = i\sqrt{(c+f)(a-e)} \quad \text{e} \quad \lambda_2 = -i\sqrt{(c+f)(a-e)}$$

Ci ritroviamo nello stesso caso del sistema lotka volterra classico in cui la parte reale degli autovalori è nulla e perciò siamo in un caso particolare in cui non si possono trarre conclusioni dall'analisi lineare della matrice jacobiana. Come nel caso precedente il sistema ammette una costante del moto $H(x,y)$ e le curve di livello di questa funzione sono traiettorie chiuse che circondano il punto fisso, quindi, per lo stesso identico

ragionamento (vedi modello classico lotka volterrana sopra descritto), possiamo dire si tratti di un punto di equilibrio stabile.

Confrontando come in figura i ritratti in fase dei due sistemi (Lotka-Volterra classico e con pesca) e in particolare le coordinate dei punti di equilibrio stabile di ciascun sistema si osserva subito che una pesca moderata ha effetti che favoriscono la popolazione delle prede e sfavoriscono quella dei predatori: infatti

- $(x, y) = \left(\frac{c+f}{d}, \frac{a-e}{b}\right)$ punto di equilibrio stabile con pesca;
- $(x, y) = \left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right)$ punto di equilibrio stabile modello classico.

Per mostrare questo effetto si sono scelti dei parametri fissi ($a = 2$, $b = 1$, $c = 2$, $d = 1$) e si sono fatti variare i parametri e - f relativi alla pesca.

Nel configurazione 1 del grafico sotto riportato sono stati scelti $e=0.4$, $f=0.6$;

Nel configurazione 2 del sono stati scelti $e=1.2$, $f=1.8$;

Nel configurazione 3 del sono stati scelti $e=1.6$, $f=2.4$;

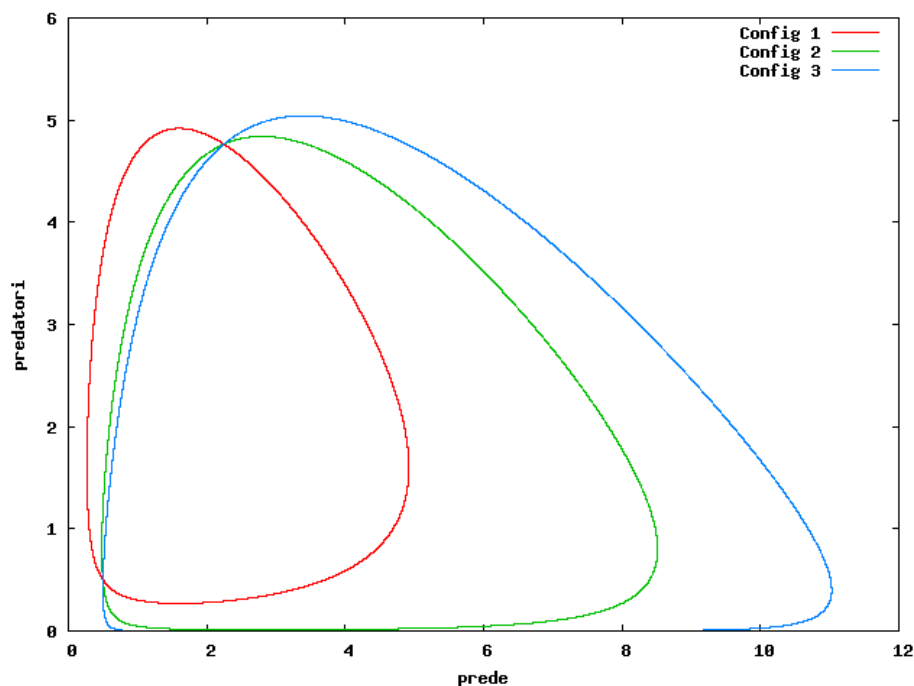
I punti di equilibrio delle diverse configurazioni sono:

P1 = (1.6, 1.6);

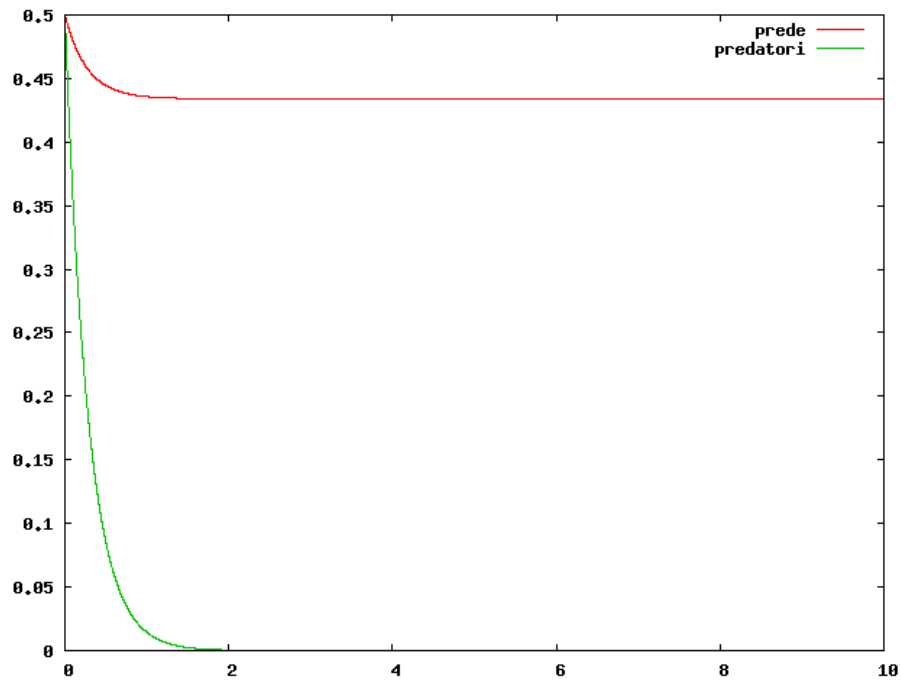
P2 = (2.8, 0.8);

P3 = (3.4, 0.4).

Da ciò si può vedere che il punto di equilibrio stabile aumenta nella coordinata y e diminuisce nella x , aumentando così all'equilibrio il numero di prede e diminuendo quelle di predatori.



È stata poi testata una configurazione limite impostando $e=2$ e $f=3$. In questo caso le prede non si estinguono a differenza dei predatori. Osserviamo questo comportamento nel fictostante: si osserva la popolazione di prede che, dopo un transitorio calo iniziale, si stabilizza su un valore costante, mentre i predatori si estinguono esponenzialmente. (a, b, c, d sono rimasti invariati)



Oltrepassata questa soglia si ha l'estinzione di entrambe le specie in maniera esponenziale. All'aumentare dei parametri e - f le due specie tendono all'estinzione più rapidamente.

Grafico che rappresenta i predatori in funzione delle prede: sono rappresentate 3 popolazioni in 3 colori diversi; andando dal rosso al blu i coefficienti e - f aumentano.

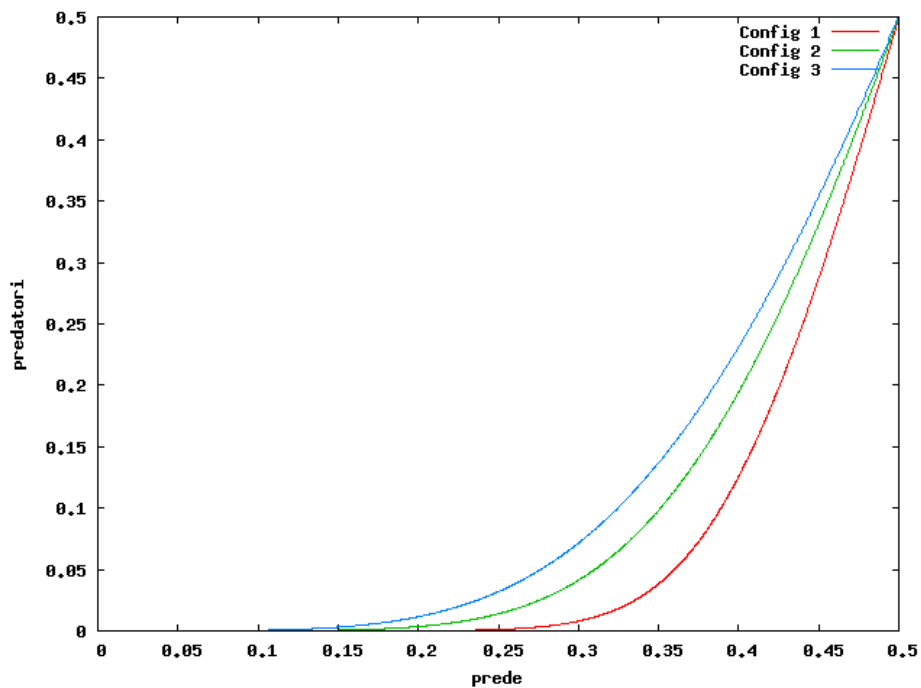
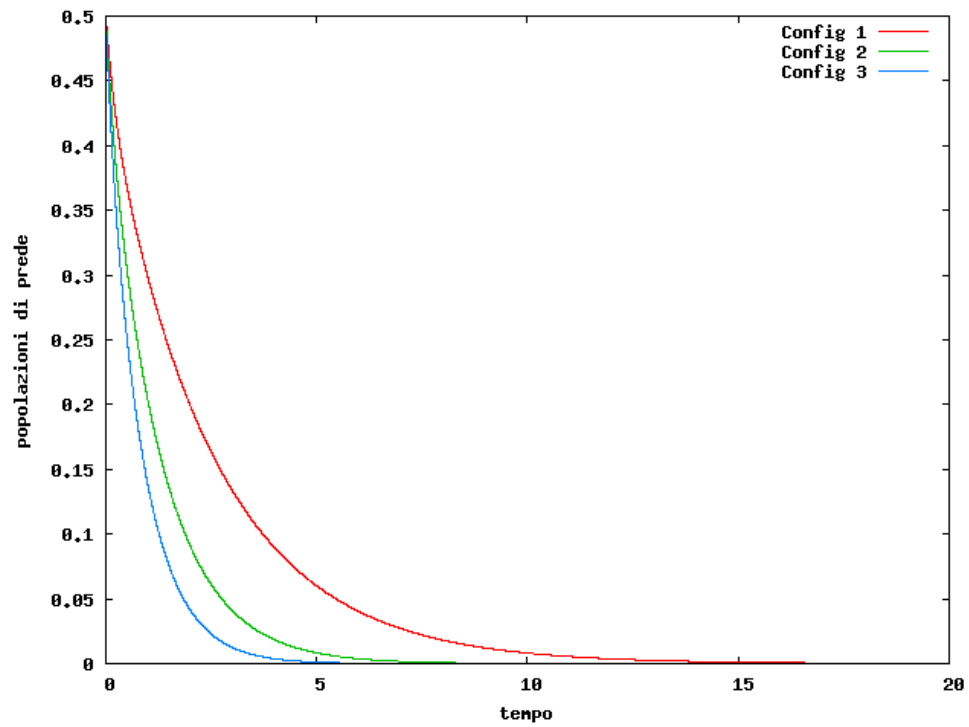
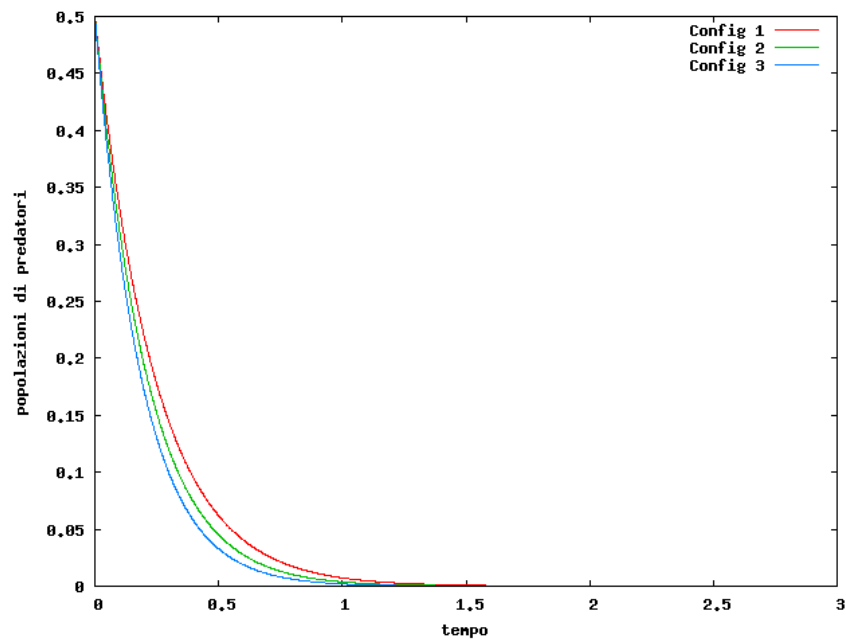


Grafico delle popolazioni di prede in funzione del tempo: si veda come all'aumentare dei coefficienti e - f le popolazioni si estinguono molto più rapidamente.

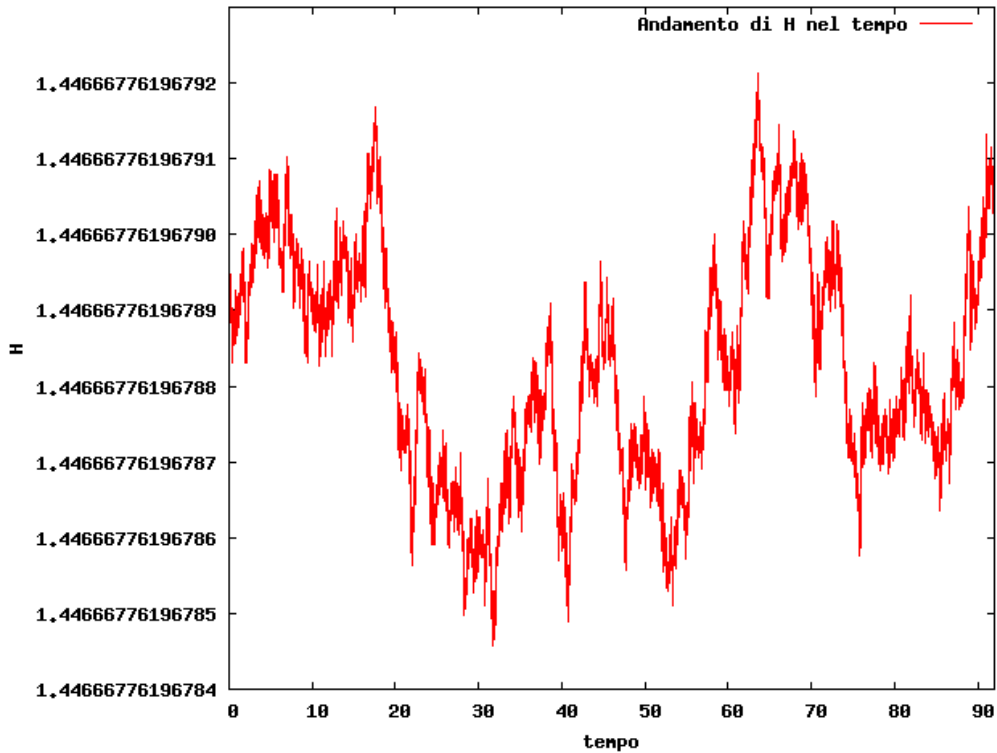


Come nel grafico precedente, anche questo grafico, che rappresenta le popolazioni dei predatori in funzione del tempo all'aumentare dei coefficienti e - f le popolazioni si estinguono molto più rapidamente.

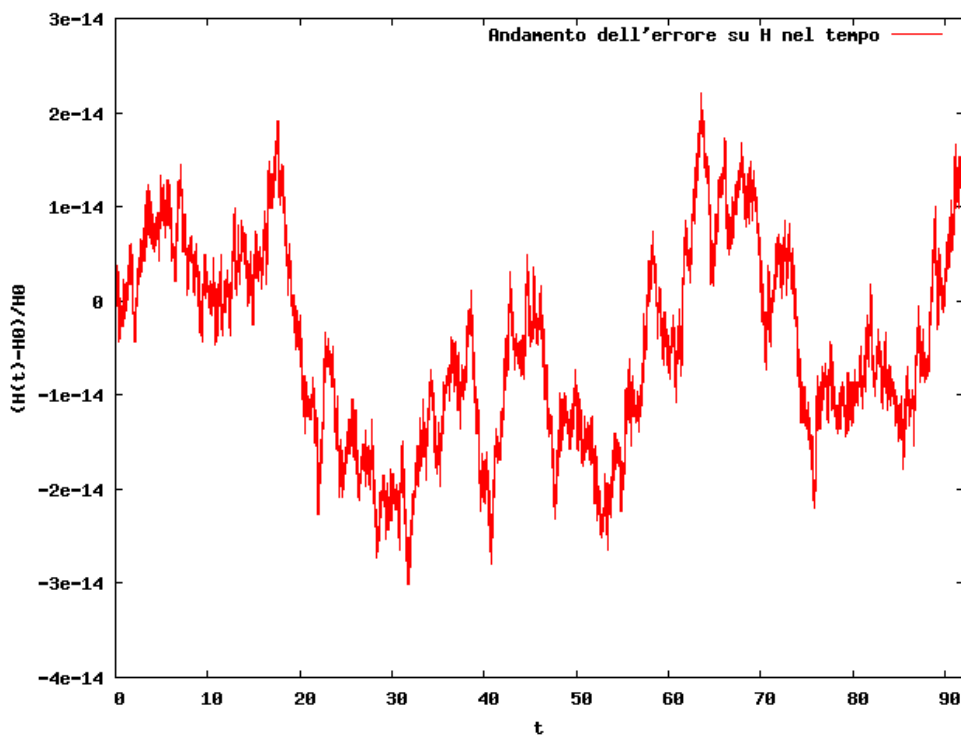


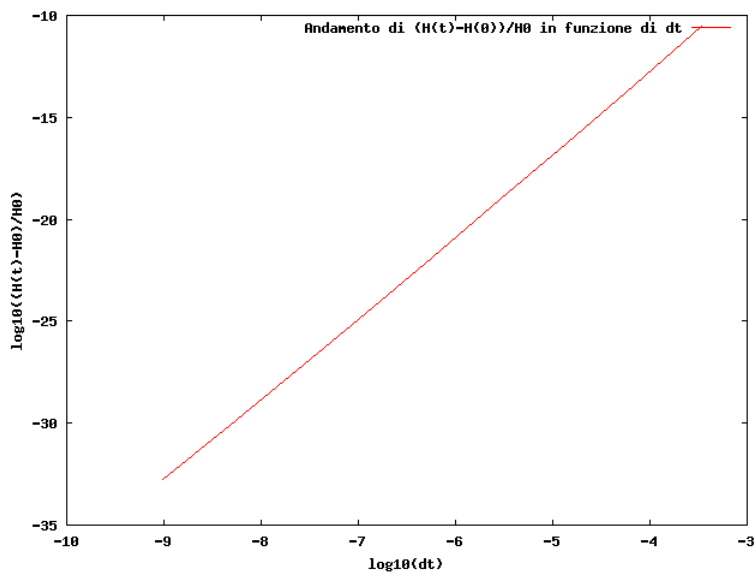
VERIFICA ALGORITMO DI INTEGRAZIONE

È qui rappresentato l'andamento della costante H del moto per una determinata combinazione di coefficienti e condizioni iniziali ($a=4$, $b=2$, $c=3$, $d=1$, $dt=0.0001$, $x_0=8$, $y_0=5$), che si mantiene costante a meno di piccolissime oscillazioni irregolari di ampiezza media dell'ordine di 10^{-13} .



Come si può vedere dal grafico successivo, anche l'errore su H definito come $\frac{H(t)-H_0}{H_0}$ presenta piccolissime oscillazioni di ampiezza media dell'ordine di 10^{-14} .





Nell'ultimo grafico è studiato l'andamento dell'errore sulla costante del moto H per diversi dt . Tale grafico serve per verificare l'ordine d'integrazione dell'algoritmo scelto. Per Runge Kutta di ordine quattro l'andamento atteso è una parabola di ordine 4 poiché di quarto ordine. Per rendere lo studio più semplice si sono graficati i logaritmi in base 10 delle grandezze (dt e $\frac{H(t)-H_0}{H_0}$) così da poter avere un andamento lineare, in particolare è necessario verificare che il coefficiente angolare della retta sia 4. Per studiare l'errore di integrazione è stato preso il valore di H per ogni scelta del dt (il dt veniva ogni volta dimezzato) sempre allo stesso tempo $t=1$. La retta ottenuta, tramite un fit lineare ha coefficiente angolare $m=4.012 \pm 0.016$ ed intercetta $q=3.26 \pm 0.10$.

Il risultato ottenuto è soddisfacente, il coefficiente angolare è compatibile con quello atteso.

Nel box sottostante sono riportati i dati riguardanti lo studio di integrazione del metodo utilizzato, con i parametri specificati all'inizio).

t	dt	$(H(T) - H_0) / H_0$
1.0000000000	0.03125000000000	0.00002670462687322557
1.0000000000	0.01562500000000	0.00000149749755925359
1.0000000000	0.00781250000000	0.00000008829112851873
1.0000000000	0.00390625000000	0.00000000535308865626
1.0000000000	0.00195312500000	0.00000000032941731647
1.0000000000	0.00097656250000	0.00000000002042772901
1.0000000000	0.00048828125000	0.00000000000127172823
1.0000000000	0.00024414062500	0.00000000000008291341
1.0000000000	0.00012207031250	0.00000000000000600580

Di seguito è riportato il file con i dati del fit lineare.

```
*****
Tue Dec 30 12:28:20 2014

FIT:  data read from "LVerri.dat" u (log($2)):(log($5))
      format = x:z
      #datapoints = 9
      residuals are weighted equally (unit weight)

function used for fitting: f(x)
fitted parameters initialized with current variable values
```

Iteration 0
WSSR : 2721.44 delta(WSSR)/WSSR : 0
delta(WSSR) : 0 limit for stopping : 1e-05
lambda : 4.64326

initial set of free parameter values

a = 1
b = 1

After 5 iterations the fit converged.
final sum of squares of residuals : 0.0513647
rel. change during last iteration : -2.90445e-14

degrees of freedom (FIT_NDF) : 7
rms of residuals (FIT_STDFIT) = sqrt(WSSR/ndf) : 0.0856611
variance of residuals (reduced chisquare) = WSSR/ndf : 0.00733782

Final set of parameters		Asymptotic Standard Error	
=====		=====	
a	= 3.2574	+/- 0.1035	(3.179%)
b	= 4.01199	+/- 0.01595	(0.3977%)

correlation matrix of the fit parameters:

	a	b
a	1.000	
b	0.961	1.000