

# Symetryczne modele konkurencji gatunków

Karolina Sikora, Mateusz Pieszczek, Michał Tomanek, Michał Zieliński

31 maja 2022

## Problem oddziaływania między populacjami

Typy oddziaływań:

- Układ drapieżnik-ofiara
- Konkurencja
- Symbioza

## Współzawodnictwo gatunków – model deterministyczny

- Dwa gatunki
- $N_1(t)$  – zagęszczenie populacji pierwszej w chwili  $t$
- $N_2(t)$  – zagęszczenie populacji drugiej w chwili  $t$

## Współzawodnictwo gatunków – model deterministyczny

- Dwa gatunki
- $N_1(t)$  – zagęszczenie populacji pierwszej w chwili  $t$
- $N_2(t)$  – zagęszczenie populacji drugiej w chwili  $t$

Równanie opisujące zagęszczenie populacji, jeśli jest ona jedyną populacją na danym terytorium:

$$\frac{dN_i}{dt} = r_i N_i \left(1 - \frac{N_i}{K_i}\right) \quad i = 1, 2$$

$r_i$  – rozrodczość netto,  $K_i$  – pojemność środowiska.

## Model konkurencji międzygatunkowej

$$\begin{cases} \frac{dN_1}{dt} = r_1 N_1 \left( 1 - \frac{N_1}{K_1} - b_{12} \frac{N_2}{K_1} \right) \\ \frac{dN_2}{dt} = r_2 N_2 \left( 1 - \frac{N_2}{K_2} - b_{21} \frac{N_1}{K_2} \right) \end{cases}$$

$b_{12}$  – stała, informuje jak konkurencja drugiego gatunku wpływa na pierwszy,

$b_{21}$  – stała, informuje jak konkurencja pierwszego gatunku wpływa na drugi.

## Przekształcenie układu

Nowe zmienne i parametry:

$$u_1 = \frac{N_1}{K_1}, \quad u_2 = \frac{N_2}{K_2}, \quad \tau = r_1 t, \quad \rho = \frac{r_2}{r_1}$$

$$a_{12} = b_{12} \frac{K_2}{K_1}, \quad a_{21} = b_{21} \frac{K_1}{K_2}$$

## Przekształcenie układu

Nowe zmienne i parametry:

$$u_1 = \frac{N_1}{K_1}, \quad u_2 = \frac{N_2}{K_2}, \quad \tau = r_1 t, \quad \rho = \frac{r_2}{r_1}$$

$$a_{12} = b_{12} \frac{K_2}{K_1}, \quad a_{21} = b_{21} \frac{K_1}{K_2}$$

Nowy układ:

$$\begin{cases} \frac{du_1}{dt} K_1 = r_1 u_1 K_1 \left( 1 - \frac{u_1 K_1}{K_1} - b_{12} \frac{u_2 K_2}{K_1} \right) \\ \frac{du_2}{dt} K_2 = r_2 u_2 K_2 \left( 1 - \frac{u_2 K_2}{K_2} - b_{21} \frac{u_1 K_1}{K_2} \right) \end{cases}$$

## Przekształcenie układu

Nowe zmienne i parametry:

$$u_1 = \frac{N_1}{K_1}, \quad u_2 = \frac{N_2}{K_2}, \quad \tau = r_1 t, \quad \rho = \frac{r_2}{r_1}$$

$$a_{12} = b_{12} \frac{K_2}{K_1}, \quad a_{21} = b_{21} \frac{K_1}{K_2}$$

Nowy układ:

$$\begin{cases} \frac{du_1}{d\tau} K_1 = r_1 u_1 K_1 \left( 1 - \frac{u_1 K_1}{K_1} - b_{12} \frac{u_2 K_2}{K_1} \right) \\ \frac{du_2}{d\tau} K_2 = r_2 u_2 K_2 \left( 1 - \frac{u_2 K_2}{K_2} - b_{21} \frac{u_1 K_1}{K_2} \right) \end{cases}$$

Układ po uproszczeniu:

$$\begin{cases} \frac{du_1}{d\tau} = u_1 (1 - u_1 - a_{12} u_2) = f_1(u_1, u_2) \\ \frac{du_2}{d\tau} = \rho u_2 (1 - u_2 - a_{21} u_1) = f_2(u_1, u_2) \end{cases}$$



## Rozwiązania stacjonarne

$$\begin{cases} 0 = u_1^* (1 - u_1^* - a_{12} u_2^*) \\ 0 = \rho u_2^* (1 - u_2^* - a_{21} u_1^*) \end{cases}$$

## Rozwiązania stacjonarne

$$\begin{cases} 0 = u_1^* (1 - u_1^* - a_{12} u_2^*) \\ 0 = \rho u_2^* (1 - u_2^* - a_{21} u_1^*) \end{cases}$$

■  $u_1^* = 0, u_2^* = 0$

■  $u_1^* = 0, u_2^* = 1$

■  $u_1^* = 1, u_2^* = 0$

■  $u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}, \quad a_{12}a_{21} \neq 1$

## Badanie stabilności rozwiązań

Korzystamy z macierzy:

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} 1 - 2u_1 - a_{12}u_2 & -a_{12}u_1 \\ -\rho a_{21}u_2 & \rho(1 - 2u_2 - a_{21}u_1) \end{bmatrix}$$

## Badanie stabilności rozwiązań

Korzystamy z macierzy:

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} 1 - 2u_1 - a_{12}u_2 & -a_{12}u_1 \\ -\rho a_{21}u_2 & \rho(1 - 2u_2 - a_{21}u_1) \end{bmatrix}$$

1.  $u_1^* = 0, u_2^* = 0$

## Badanie stabilności rozwiązań

Korzystamy z macierzy:

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} 1 - 2u_1 - a_{12}u_2 & -a_{12}u_1 \\ -\rho a_{21}u_2 & \rho(1 - 2u_2 - a_{21}u_1) \end{bmatrix}$$

1.  $u_1^* = 0, u_2^* = 0$

$$d_{(0,0)} f = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \rho \end{bmatrix}$$

## Badanie stabilności rozwiązań

Korzystamy z macierzy:

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} 1 - 2u_1 - a_{12}u_2 & -a_{12}u_1 \\ -\rho a_{21}u_2 & \rho(1 - 2u_2 - a_{21}u_1) \end{bmatrix}$$

1.  $u_1^* = 0, u_2^* = 0$

$$d_{(0,0)} f = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \rho \end{bmatrix}$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = 1, \lambda_2 = \rho$

## Badanie stabilności rozwiązań

Korzystamy z macierzy:

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} 1 - 2u_1 - a_{12}u_2 & -a_{12}u_1 \\ -\rho a_{21}u_2 & \rho(1 - 2u_2 - a_{21}u_1) \end{bmatrix}$$

1.  $u_1^* = 0, u_2^* = 0$

$$d_{(0,0)} f = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \rho \end{bmatrix}$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = 1, \lambda_2 = \rho$

Wniosek:  $(0, 0)$  nie jest niestabilny

2.  $u_1^* = 0, u_2^* = 1$



2.  $u_1^* = 0, u_2^* = 1$

$$d_{(0,1)}f = \begin{bmatrix} 1 - a_{12} & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho \end{bmatrix}$$

$$2. \ u_1^* = 0, \ u_2^* = 1$$

$$d_{(0,1)}f = \begin{bmatrix} 1 - a_{12} & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} 1 - a_{12} - \lambda & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho - \lambda \end{bmatrix} \right| = (1 - a_{12} - \lambda)(-\rho - \lambda)$$

2.  $u_1^* = 0, u_2^* = 1$

$$d_{(0,1)}f = \begin{bmatrix} 1 - a_{12} & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} 1 - a_{12} - \lambda & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho - \lambda \end{bmatrix} \right| = (1 - a_{12} - \lambda)(-\rho - \lambda)$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = 1 - a_{12}, \lambda_2 = -\rho$

$$2. \ u_1^* = 0, \ u_2^* = 1$$

$$d_{(0,1)}f = \begin{bmatrix} 1 - a_{12} & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} 1 - a_{12} - \lambda & 0 \\ -\rho a_{21} & -\rho - \lambda \end{bmatrix} \right| = (1 - a_{12} - \lambda)(-\rho - \lambda)$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = 1 - a_{12}$ ,  $\lambda_2 = -\rho$

Wniosek:  $(0, 1)$  stabilny, gdy  $a_{12} > 1$ ,

$(0, 1)$  niestabilny, gdy  $a_{12} < 1$

3.  $u_1^* = 1, u_2^* = 0$

3.  $u_1^* = 1, u_2^* = 0$

$$d_{(1,0)}f = \begin{bmatrix} -1 & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) \end{bmatrix}$$

$$3. \ u_1^* = 1, \ u_2^* = 0$$

$$d_{(1,0)}f = \begin{bmatrix} -1 & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} -1 - \lambda & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) - \lambda \end{bmatrix} \right| = (-1 - \lambda)(\rho(1 - a_{21}) - \lambda)$$

$$3. \ u_1^* = 1, \ u_2^* = 0$$

$$d_{(1,0)}f = \begin{bmatrix} -1 & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} -1 - \lambda & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) - \lambda \end{bmatrix} \right| = (-1 - \lambda)(\rho(1 - a_{21}) - \lambda)$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = -1, \lambda_2 = \rho(1 - a_{21})$



$$3. \ u_1^* = 1, \ u_2^* = 0$$

$$d_{(1,0)}f = \begin{bmatrix} -1 & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) \end{bmatrix}$$

Równanie charakterystyczne:

$$0 = \left| \begin{bmatrix} -1 - \lambda & -a_{12} \\ 0 & \rho(1 - a_{21}) - \lambda \end{bmatrix} \right| = (-1 - \lambda)(\rho(1 - a_{21}) - \lambda)$$

Wartości własne:  $\lambda_1 = -1$ ,  $\lambda_2 = \rho(1 - a_{21})$

Wniosek:  $(1, 0)$  stabilny, gdy  $a_{21} > 1$ ,

$(1, 0)$  niestabilny, gdy  $a_{21} < 1$

$$4 \quad u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, \quad u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$$

$$4 \quad u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, \quad u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$$

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} \frac{a_{12}-1}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{a_{12}(a_{12}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \\ \frac{\rho a_{21}(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{\rho(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \end{bmatrix}$$

$$4 \quad u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, \quad u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$$

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} \frac{a_{12}-1}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{a_{12}(a_{12}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \\ \frac{\rho a_{21}(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{\rho(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \end{bmatrix}$$

Wartości własne:

$$\lambda_1, \lambda_2 = (2(1 - a_{12}a_{21}))^{-1} \{ (a_{12} - 1) + \rho(a_{21} - 1) \pm [((a_{12} - 1) + \rho(a_{21} - 1))^2 - 4\rho(1 - a_{12}a_{21})(a_{12} - 1)(a_{21} - 1)]^{\frac{1}{2}} \}.$$

$$4 \quad u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, \quad u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$$

$$d_{(u_1^*, u_2^*)} f = \begin{bmatrix} \frac{a_{12}-1}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{a_{12}(a_{12}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \\ \frac{\rho a_{21}(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} & \frac{\rho(a_{21}-1)}{1-a_{12}a_{21}} \end{bmatrix}$$

Wartości własne:

$$\lambda_1, \lambda_2 = (2(1 - a_{12}a_{21}))^{-1} \{ (a_{12} - 1) + \rho(a_{21} - 1) \pm [((a_{12} - 1) + \rho(a_{21} - 1))^2 - 4\rho(1 - a_{12}a_{21})(a_{12} - 1)(a_{21} - 1)]^{\frac{1}{2}} \}.$$

Wniosek: punkt jest stabilny, gdy  $a_{12}, a_{21} < 1$ ,  
punkt jest niestabilny, gdy  $a_{12}, a_{21} > 1$

## Analiza rozwiązań w przestrzeni fazowej

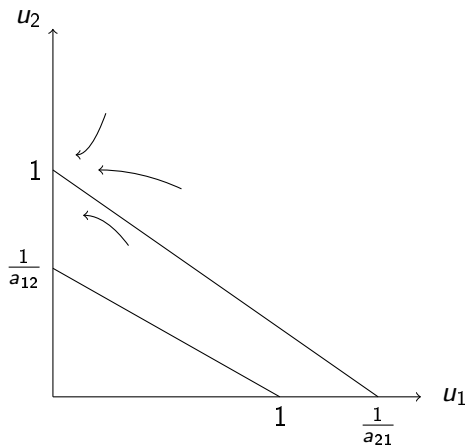
Izokliny zerowe

- $f_1 = 0 \Leftrightarrow u_1 = 0 \text{ lub } u_2 = \frac{1-u_1}{a_{12}}$
- $f_2 = 0 \Leftrightarrow u_2 = 0 \text{ lub } u_2 = 1 - u_1 a_{21}$

1.  $a_{12} > 1, a_{21} < 1$

- Rozwiązanie stacjonarne  $u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$  nie istnieje
- $(1, 0)$  jest niestabilny
- $(0, 1)$  jest stabilny

1.  $a_{12} > 1$ ,  $a_{21} < 1$



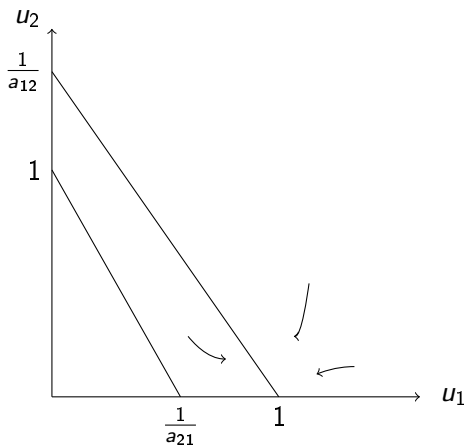
Wniosek: Populacja pierwsza wymiera bez względu na początkową wielkość populacji obu gatunków.



2.  $a_{12} < 1, a_{21} > 1$ 

- Rozwiązanie stacjonarne  $u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$  nie istnieje
- $(1, 0)$  jest stabilny
- $(0, 1)$  jest niestabilny

2.  $a_{12} < 1$ ,  $a_{21} > 1$

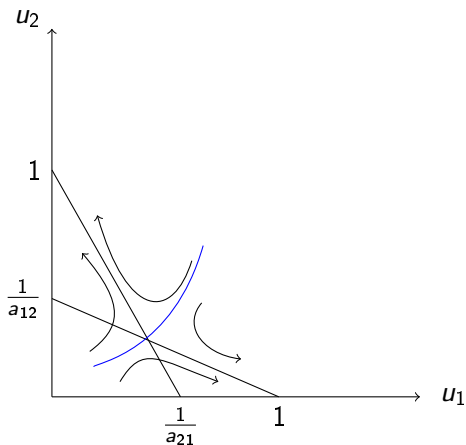


Wniosek: Populacja druga wymiera bez względu na początkową wielkość populacji obu gatunków.

3.  $a_{12} > 1, a_{21} > 1$ 

- Rozwiązanie stacjonarne  $u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}, u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$  istnieje, jest niestabilne
- $(1, 0)$  jest stabilny
- $(0, 1)$  jest stabilny

3.  $a_{12} > 1$ ,  $a_{21} > 1$

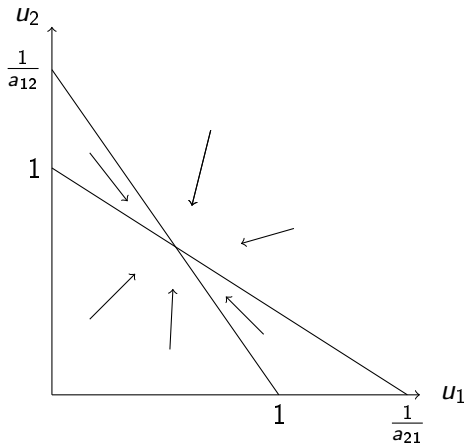


Wniosek: W zależności od początkowych wielkości populacji wymrze pierwszy lub drugi gatunek

4.  $a_{12} < 1$ ,  $a_{21} < 1$

- Rozwiązanie stacjonarne  $u_1^* = \frac{1-a_{12}}{1-a_{12}a_{21}}$ ,  $u_2^* = \frac{1-a_{21}}{1-a_{12}a_{21}}$  istnieje, jest stabilne
- $(1, 0)$  jest niestabilny
- $(0, 1)$  jest niestabilny

4.  $a_{12} < 1$ ,  $a_{21} < 1$



Wniosek: Gatunki przystosowują się do życia na jednym terytorium

Metoda Eulera jest metodą numerycznego rozwiązywania równań różniczkowych lub ich układów, bazuje ona na tym że wzór na pochodną to jest:

$$f'(x) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \frac{f(x+h) - f(x)}{h}$$

Niech  $y(t) = f(t, y)dt$ , będzie równaniem różniczkowym i niech  $y(t_0) = y_0$ , niech  $h > 0$ . Metoda Eulera wyraża się wzorem:

$$y(t_n + h) = y_{n+1} = y_n + h \cdot f(t_n, y_n), \quad t_{n+1} = t_n + h,$$

dla  $n \in \mathbb{N}$  (gdzie  $\mathbb{N}$  oznacza liczby naturalne z zerem). Im mniejsze weźmiemy  $h$  tym mamy większą dokładność.

Metoda Eulera jest jednak stosunkowo mało dokładna w stosunku do złożoności obliczeniowej i słabo działa w niektórych przypadkach, inną metodą jest metoda Runge-Kuttego 4-tego rzędu, wyraża się ona:

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{6} \cdot (k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4), \text{ gdzie}$$

$$k_1 = f(t_n, y_n)$$

$$k_2 = f\left(t_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_1}{2}\right)$$

$$k_3 = f\left(t_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_2}{2}\right)$$

$$k_4 = f(t_n + h, y_n + k_3)$$



Weźmy przedział  $[t_n, t_{n+1}]$  Zauważmy że:

$k_1$  - jest przybliżoną pochodną na początku przedziału (metoda Eulera)

$k_2$  - jest przybliżoną pochodną w środku przedziału obliczoną z użyciem  $k_1$

$k_3$  - jest przybliżoną pochodną w środku przedziału obliczoną z użyciem  $k_2$

$k_4$  - jest przybliżoną pochodną na końcu przedziału obliczoną z użyciem  $k_3$

natomiast obliczając  $y_{n+1}$  używamy  $y_n$ , oraz średniej ważonej z  $k_1, k_2, k_3, k_4$ , z odpowiednimi wagami.

Niech  $s \geq 1$ , dla wszystkich  $i \in \{2, \dots, s\}$ , zdefiniujmy  $c_i \geq 0$ . Dla wszystkich par  $i \in \{2, \dots, s\}$ , oraz  $j \in \{1, \dots, s-1\}$  zdefiniujmy  $a_{ij} \geq 0$ . Niech

$$k_1 = f(t_n, y_n)$$

$$k_2 = f(t_n + c_2 h, y_n + h(a_{2,1} k_1))$$

$$k_3 = f(t_n + c_3 h, y_n + h(a_{3,1} k_1 + a_{3,2} k_2))$$

.

.

$$k_s = f(t_n + c_s h, y_n + h(a_{s,1} k_1 + a_{s,2} k_2 + \dots + a_{(s),(s-1)} k_{s-1}))$$

Dla wszystkich  $i \in \{1, \dots, s\}$ , zdefiniujmy  $b_i \geq 0$ , gdzie  $b_i$  to wagi pojedynczych  $k_i$  podzielone przez sumę wag, więc

$$\sum_{i=1}^s b_i = 1$$

wtedy:

$$y_{n+1} = y_n + h \sum_{i=1}^s b_i \cdot k_i$$

Zauważmy że jeżeli weźmiemy  $s = 4$  oraz odpowiednie współczynniki to dostaniemy wcześniej zdefiniowaną metodę Runge-Kuttego 4-tego rzędu, natomiast jeśli zmienimy współczynniki to dostaniemy inną metodę Runge-Kuttego 4-tego rzędu.

Metody Runge-Kuttego to duża rodzina metod, do których należą metoda Eulera oraz metoda Runge-Kuttego 4-tego rzędu. Ważną część tej rodziny stanowią metody ze zmiennym krokiem ( $h$ ).

Działa to mniej więcej tak że używając dwóch metod, liczymy  $y_{n+1}$  - wynik z użyciem bardziej zaawansowanej metody np.

Runge-Kuttego 5-tego rzędu, oraz  $y_{n+1}^*$  - wynik z użyciem mniej zaawansowanej metody np. Runge-Kuttego 4-tego rzędu.

Jeśli różnica pomiędzy wynikami  $E = |y_{n+1} - y_{n+1}^*|$  (domniemana wielkość błędu) jest odpowiednio mała to przyjmujemy  $y_{n+1}$  które wyliczyliśmy oraz zależnie od wielkości błędu  $E$  zwiększamy krok (zmniejszając dokładność ale przyspieszając obliczenia), zostawiamy taki jaki był, lub w niektórych przypadkach zmniejszamy krok kiedy  $E$  jest blisko bycia za dużym błędem. Natomiast jeśli  $E$  jest za duże to zmniejszamy krok  $h$  i liczymy  $y_{n+1}$  i  $y_{n+1}^*$  jeszcze raz

Zmianę  $h$  możemy obliczać używając jakiegoś wzoru np. w metodzie Runge-Kuttego-Fehlenberga 4(5) używa się dla ustalonego  $\epsilon > 0$

$$h_{nowe} = 0.9 \cdot h \cdot \left(\frac{\epsilon}{E}\right)^{\frac{1}{5}}$$

Gdy  $E > \epsilon$  (błąd jest dla nas za duży) zastępujemy  $h$  przez  $h_{nowe}$ , (tutaj  $h_{nowe} < h$  oraz powtarzamy krok więc będziemy mieli lepszą dokładność). Jeśli natomiast  $E \leq \epsilon$  (błąd nie jest dla nas za duży) to zastępujemy  $h$  przez  $h_{nowe}$  ale idziemy dalej. Zauważmy że dla odpowiednio bliskiego  $E$  i  $\epsilon$  i  $E < \epsilon$  (błąd jest blisko wielkości za dużej ale jeszcze nie jest za duży)  $h_{nowe} < h$  (czyli nieco zwiększamy dokładność), natomiast gdy  $E$  będzie odpowiednio mocno mniejsze od  $\epsilon$  to  $h_{nowe} \geq h$  czyli zmniejszamy dokładność, za to mając szybsze obliczenia.

## Proces Markowa

Zanim przejdziemy do opisu konkurencji, zdefiniujemy Proces Markowa z czasem ciągłym. W procesach z czasem dyskretnym rozpatrujemy procesy które spełniają tzw. **własność Markowa**. Niech  $X_n$  będzie procesem stochastycznym z dyskretnym czasem na dyskretnej przestrzeni stanów  $S$ . Wtedy mówimy że spełnia on własność markowa jeżeli

$$P(X_n = i_n | X_0 = i_0, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}) = P(X_n = i_n | X_{n-1} = i_{n-1})$$

W przypadku procesu  $X$  o ciągłym czasie na dyskretnej przestrzeni  $S$  własność Markowa wygląda następująco

$$P(X(t) = j | \sigma(\{X(r) : r \leq s\})) = P(X(t) = j | X(s))$$

gdzie  $j \in S$  oraz  $s \leq t$ . Dodatkowo zakłada się jednorodność procesu w czasie

$$P(X(t) = j | X(s)) = P(X(t - s) = j | X(0))$$

# Ciągły czas

W przeciwieństwie do procesów z czasem dyskretnym nie możemy zdefiniować macierzy przejść, przez ciągły charakter procesu.

Interesuje nas czas, po którym proces zmieni swój obecny stan.

Przy założeniu, że  $X(0) := x$ , jako  $T_x$  oznaczać będziemy czas w którym zmienia się stan tzn.  $X(T_x) \neq x$  oraz  $X(t) = x$  dla  $t \leq T_x$ .

Jaki rozkład ma zmienna  $T_x$ ? Możemy zauważyć że dla  $s, t \geq 0$

$$\begin{aligned}
 &P(T_x > s + t | T_x > s) \\
 &= P(X(r) = x, r \in [0, s + t] | X(r) = x, r \in [0, s]) \\
 &= P(X(r) = x, r \in [s, s + t] | X(r) = x, r \in [0, s]) \\
 &= P(X(r) = x, r \in [s, s + t] | X(s) = x) \\
 &= P(X(r) = x, r \in [0, t] | X(0) = x) \\
 &= P(T_x > t)
 \end{aligned}$$



## Czas zmiany stanu

Tak więc proces ten posiada **własność zapominania**, którą z pośród ciągłych zmiennych losowych spełnia tylko taka z **rozkładem wykładniczym**. Parametr  $\lambda$  tego rozkładu dla ustalonego  $x$  przedstawimy jako  $\lambda(x)$ . Po zmianie stanu interesować nas też będzie nie tylko czas, ale też **nowy stan**. Naturalnie moglibyśmy sobie wyobrazić procesy gdzie nowy stan zależy od tego jak długo przebywaliśmy w stanie poprzednim. Dla  $S = \{x, y, z\}$  i stanu początkowego  $X(0) = x$ , wyobrażamy sobie, że im dłużej trwa stan  $x$ , czyli im większe jest  $T_x$ , to zmiana na stan  $z$  będzie bardziej prawdopodobna niż na  $y$ . Ale to przeczyłoby własności Markowa, gdyż do rozpatrzenia kolejnego przejścia potrzebowalibyśmy nie tylko stanu obecnego, ale też historii, jak długo przebywał proces w tym stanie. **Tak więc wybór stanu musi być niezależny od rozkładu czasu zmiany.**

Dlatego też możemy uniezależnić do pewnego stopnia rozkłady czasu przejścia oraz stanów.

Oznaczmy więc przez

$$p_{xy} := P(X(T_x) = y | X(0) = x)$$

prawdopodobieństwo tego że po opuszczeniu stanu  $x$  proces przejdzie w stan  $y$ . Dodatkowo zdefiniujemy

$$\lambda(x, y) := \lambda(x)p_{xy}.$$

## Definicja

Ciągłym i jednorodnym łańcuchem Markowa o współczynnikach  $\lambda(x, y)$  nazywamy proces stochastyczny  $X(t)$  którego przestrzeń stanów jest skończona lub przeliczalna oraz spełnione są równania

$$P(X(t+h) = x | X(t) = x) = 1 - \lambda(x)h + o(h) \quad (1)$$

$$P(X(t+h) = y | X(t) = x) = \lambda(x, y)h + o(h) \quad (2)$$

gdzie  $x \neq y$  oraz  $\lambda(x) = \sum_{y \neq x} \lambda(x, y)$

Przy takiej definicji jeżeli znane nam są tylko  $\lambda(x, y)$  tp współczynniki  $p_{xy}$  możemy odzyskać z własności

$$p_{xy} = \frac{\lambda(x, y)}{\lambda(x)}$$

# Implementacja

W implementacji, będziemy rozpatrywać 2 niezależne procesy. Pierwszy to ciąg zmiennych losowych o rozkładzie wykładniczym które będą ciągiem interwałów pomiędzy zmianami stanów. Drugi to dyskretny proces Markowa, którym będziemy konstruować wartości przyjmowane przez nasz ciągły proces. Macierzą przejścia tego procesu Markowa będzie  $[p_{xy}]_{x,y \in S}$ . Z definicji w naszej macierzy będziemy mieli że  $p_{xx} = 0$ .

# Algorytm

Algorytm ten nosi różne nazwy: algorytm Gillespie'go, algorytm stochastycznej symulacji, kinetyczna/dynamiczna metoda Monte Carlo, algorytm Bortz-Kalos-Liebowitz.

Algorytm w praktyce jest bardzo prosty. W każdym kroku pętli:

- Według rozkładu wykładniczego ustalamy czas trwania obecnego stanu
- Według macierzy  $[p_{xy}]_{x,y \in S}$  ustalamy stan na który dokona się zmiana. Wycinamy wtedy odpowiedni wiersz z macierzy, który będzie naszym rozkładem.

Wynik odpowiednio zapisujemy w 2 listach. Lista kolejnych stanów procesu oraz lista czasów trwania każdego ze stanów.

## W modelu konkurencji - stany

Aby teraz skorzystać z powyższego algorytmu do modelu konkurencji gatunków, musimy sprecyzować:

- przestrzeń stanów  $S$
- częstotliwości zmian, czyli parametr  $\lambda(x)$
- macierz przejścia  $[p_{xy}]_{x,y \in S}$

Przestrzenią stanów w naszym wypadku będzie 2 wymiarowa "krata". Mianowicie przyjmiemy że  $\mathbb{N}^{\neq}$ . Gdzie jeżeli  $(n, m) \in S$ , to będziemy przez to rozumieć stan gdzie pierwszy gatunek ma liczebność  $n$  a drugi  $m$ .

Tak więc rozpatrzmy tylko następujące przejścia

$$\begin{array}{ll} \lambda((n, m), (n + 1, m)) & \lambda((n, m), (n, m + 1)) \\ \lambda((n, m), (n - 1, m)) & \lambda((n, m), (n, m - 1)) \end{array}$$

## W modelu konkurencji - częstotliwość

Prędkość urodzeń jest określona rozkładem wykładniczym o parametrze  $\lambda$ , który jest sumą pozostałych parametrów. Zastanawiamy się tu nad jakimkolwiek przejściem, stąd suma parametrów wszystkich możliwych przejść, po dokładne wyjaśnienie odsyłamy do książki Andersona. Czyli

$$\lambda((n, m)) = \lambda((n, m), (n + 1, m)) + \lambda((n, m), (n, m + 1)) + \\ \lambda((n, m), (n - 1, m)) + \lambda((n, m), (n, m - 1))$$

## W modelu konkurencji - narodziny

Uzasadnienie przejść jest analogiczne jak przy modelu deterministycznym. Zakładamy, że:

Narodzenia są proporcjonalne do liczebności - im więcej osobników gatunku to bardziej prawdopodobne że ktoś się narodzi.

$$\lambda((n, m), (n + 1, m)) = r_1 n$$

$$\lambda((n, m), (n, m + 1)) = r_2 m$$



## W modelu konkurencji - zgony

Zgony są powiązane z dwoma aspektami. Po pierwsze jest element proporcjonalny do kwadratu liczebności. Odpowiada on ograniczeniom środowiska np. objętość stawu w którym żyją ryby. Współczynnik powinien być na tyle mały, że przy małej populacji jest on nieznaczący, ale przy dużej powinien dominować i powstrzymywać przed kolejnymi narodzinami. Drugi składnik jest związany z konkurencją między gatunkami i jest proporcjonalny do liczebności obu gatunków.

$$\lambda((n, m), (n - 1, m)) = \frac{r_1}{K_1} n^2 + \frac{r_1 b_{12}}{K_1} nm$$

$$\lambda((n, m), (n, m - 1)) = \frac{r_2}{K_2} m^2 + \frac{r_2 b_{21}}{K_2} nm$$

## Zachowanie symulacji

Po przeprowadzeniu symulacji możemy zaobserwować 4 przypadki zależne od stosunku pojemności środowiska oraz współczynników konkurencji (wpływu jednego gatunku na drugi).

Warto przypomnieć sobie interpretację parametrów modelu.  $K_1$  i  $K_2$  to pojemności środowiska dla odpowiednich gatunków. Dla przykładu kiedy drugi gatunek by nie istniał, to dla pierwszego populacja licząca  $K_1$  będzie stanem stabilnym.  $b_{12}$  to wpływ drugiego gatunku na pierwszy (jak bardzo drugi gatunek przeszkadza w życiu pierwszego).

**Stabilne wymieranie jednego gatunku** W przypadku kiedy

$$b_{12} * K_2 > K_1$$

$$b_{21} * K_1 < K_2,$$

Jeżeli nierówności zostaną odwrócone, to sytuacja jest analogiczna, jedynie to pierwszy gatunek ma tutaj przewagę nad drugim.

## Zachowanie symulacji

**Niestabilne wymieranie jednego gatunku** Kolejnym przypadkiem, jest kiedy to oba gatunki mocno negatywnie wpływają na siebie. Egzystencja jednego gatunku bardzo negatywnie wpływa na drugi.

$$b_{12} * K_2 > K_1$$

$$b_{21} * K_1 > K_2,$$

## Zachowanie symulacji

**Stabilna kohabitacja obu gatunków** Ostatnim przypadkiem jest kohabitacja. Dochodzi do niej kiedy gatunki względnie sobie nie przeszkadzają. Współczynniki wypierania drugiego gatunku są niezerowe, ale nie są na tyle duże aby wyparty został cały gatunek. Istnienie drugiego gatunku jedynie ograniczy liczebność drugiego. Przez co w większości wypadków ustanowi się pewna równowaga, w okół której trajektorie będą oscylować.

$$b_{12} * K_2 < K_1$$

$$b_{21} * K_1 < K_2,$$

# Mała skala

Oczywiście rozwiązaniami stacjonarnymi, zawsze będą też 2 sytuacje.

- 1 Jeden z gatunków wymiera
- 2 Oba gatunki wymierają

U nas przy zerowej populacji jednego gatunku prawdopodobieństwo urodzenia osobnika jest równa zero.

Ponad to, pod warunkiem że inne rozwiązania stacjonarne nie znajdują się na punkcie kratowym, to wymarcie obu gatunków zawsze ma **niezerowe prawdopodobieństwo**.

Więc w nieskończonej symulacji, zawsze dojdzie do wymarcia obu gatunków. Niestety jest to bardzo mało prawdopodobne jeżeli nie mamy mikro skali. Nawet przy 50 osobnikach nie udało nam się wykreować takiej sytuacji, aby gatunki wymarły w rozsądnym czasie.

## Porównanie modeli

W obu modelach, deterministycznym i stochastycznym, możemy wyróżnić 4 przypadki przebiegu symulacji. Jak można sprawdzić teoretycznie model stochastyczny przy rosnącej skali symulacji, czyli przy zwiększających się pojemnościach środowiska  $K_1$  i  $K_2$ , będzie dążył do modelu deterministycznego. Stąd spodziewaliśmy się otrzymania analogicznych wyników przy tych samych parametrach, ale z tą różnicą, że model stochastyczny nie będzie miał gładkich trajektorii w związku z losowym charakterem modelu. Przy dużej skali nieregularności modelu stochastycznego będą co raz mniej zauważalne. Użyjemy unormowanych modeli.

1  $a_{12} > 1, a_{21} < 1$

2  $a_{12} < 1, a_{21} > 1$

3  $a_{12} < 1, a_{21} < 1$

4  $a_{12} > 1, a_{21} > 1$