

Projekt PPN: Równania Lotki-Volterra

Wstęp:

Celem projektu było opracowanie programu mogącego rozwiązywać równania Lotki-Volterra dla dwóch różnych populacji, różnie oddziałujących na siebie. Całość została napisana w języku C, z wizualizacją przy pomocy narzędzia „gnuplot” w środowisku Dev++.

Przedstawienie problemu:

Głównym problemem projektu, było ustalenie, w jaki sposób dwie populacje różnych osobników mogą na siebie oddziaływać w ekosystemie. Pierwszym modelem opisującym owe zależności był algorytm Lotki-Volterra. Dla skrócenia opisu rozpatrzmy dokładniej tylko jeden wariant (drapieżnik – ofiara). Inne warianty działają na zbliżonych zasadach (zostały zawarte w programie).

W naszej symulacji biorą udział dwie populacje (V – ofiary, P – drapieżniki), przy czym osobniki pierwszego gatunku stanowią pożywienie drugiego gatunku. Wówczas zależność między tymi populacjami można przestawić następująco:

$$\dot{V} = rV - aVP \qquad \dot{P} = -sP + abVP$$

gdzie:

- rV i $-sP$ opisują wewnętrzną dynamikę gatunków, r jest współczynnikiem rozrodczości ofiar, a s współczynnikiem śmiertelności drapieżników;
- aVP odzwierciedla liczbę losowych spotkań osobników obu gatunków, a jest współczynnikiem skuteczności polowania, składnik ten interpretujemy także jako biomasę upolowanych ofiar;
- współczynnik b odzwierciedla część upolowanej biomasy, która gatunek P przeznacza na reprodukcję.

Powyższe wzory wyznaczają jedynie zależności między dwiema populacjami. By móc w pełni określić liczebność, a precyzyjniej mówiąc - gęstość populacji rozłożonej w czasie musimy zastosować odpowiednią metodę numeryczną do iteracyjnego rozwiązywania równań różniczkowych np. algorytm Runge-Kutty 4. Mając równanie wyrażone zależnością:

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

oraz znając początkową wartość y możemy poznać kolejne wartości funkcji. Przyjmując dowolne h będące wielkością kroku całkowania, iteracyjny wzór na y według metody Runge-Kutty 4 ma następującą postać:

$$y_{n+1} = y_n + \Delta y_n$$

$$\Delta y_n = \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)$$

gdzie:

$$k_1 = hf(x_n, y_n)$$

$$k_2 = hf(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{1}{2}k_1)$$

$$k_3 = hf(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{1}{2}k_2)$$

$$k_4 = hf(x_n + h, y_n + k_3)$$

Wówczas jesteśmy w stanie określić kolejne wartości obu populacji przyrównując obowiązujące nas wzory na populacje do metody numerycznej Runge-Kuttego:

$$V(t_n) = V(t_{n-1}) + \Delta t(rV(t_{n-1}) - aV(t_{n-1})P(t_{n-1}))$$

$$P(t_n) = P(t_{n-1}) + \Delta t(-sP(t_{n-1}) + abV(t_{n-1})P(t_{n-1}))$$

przy czym Δt jest wyznaczone ową metodą iteracyjną.

Program w pełni rozwiązuje owe zagadnienia, nie tylko dla podstawowego systemu drapieżnik – ofiara, ale również dla drapieżnik – ofiara z ograniczeniem środowiskowym i kryjówkami dla ofiar, oraz modele populacji stojących obok siebie w konkurencji, bądź symbiozie, uzupełniając wyniki o odpowiednie wykresy oraz szkice portretów fazowych. Poszczególne sytuacje różnią się jedynie wzorami podstawowymi, natomiast dalsza metoda wyznaczania populacji pozostaje bez zmian. Poniżej przedstawiono wzory dla kolejnych sytuacji:

- Drapieżnik – ofiara z ograniczeniem środowiskowym dla ofiar:

$$\dot{V} = rV(1 - \frac{V}{K}) - aVP \quad \dot{P} = -sP + abVP$$

gdzie K określa ową pojemność dla gatunku ofiar.

- Drapieżnik – ofiara z kryjówkami dla ofiar:

$$\dot{V} = rV - a(V - K)P \quad \dot{P} = -sP + ab(V - K)P$$

gdzie K określa liczbę kryjówek dla ofiar.

- Konkurencja:

$$\dot{V} = r_v V \left(1 - \frac{V}{K_v} - a_{vp} \frac{P}{K_p}\right) \quad \dot{P} = r_p P \left(1 - \frac{P}{K_p} - a_{pv} \frac{V}{K_v}\right)$$

gdzie V, P oznaczają gatunki konkurencyjne (nie koniecznie już drapieżnik – ofiara), r - współczynnik rozrodczości populacji, K - pojemność środowiskowa, a – współczynnik konkurencji w stosunku do innego gatunku (im większy, tym bardziej dany gatunek musi się „przyłożyć” do zwalczania drugiego gatunku, by przetrwać).

- Symbioza:

$$\dot{V} = r_v V \left(1 - \frac{V}{K_v} + b_{vp} P\right) \quad \dot{P} = r_p P \left(1 - \frac{P}{K_p} + b_{pv} V\right)$$

gdzie b oznacza współczynnik oddziaływań symbiotycznych (pomoc udzielona przez inny gatunek). Jednak zbyt duży współczynnik może doprowadzić do nieograniczonego rozrostu populacji, gdy:

$$b > \frac{1}{K}$$

Więcej szczegółowych informacji można znaleźć w załączonym do projektu skrypcie.

Instrukcja działania programu:

Tuż po uruchomieniu programu niezbędne jest podanie nazwy pliku z przykładowymi parametrami do symulacji. Przykładowe pliki można znaleźć w folderze głównym, gdzie nazwy zostały przyporządkowane do rodzaju symulacji (wedle numeru) tj. 1.txt odnosi się do I rodzaju symulacji. Oczywiście, wszelkie parametry można mieszać. Przykładowe zostały jedynie dobrane tak, by możliwie optymalnie pokazać zależność oddziaływań.

Po podaniu pliku wybieramy jeden z rodzajów symulacji do przeprowadzenia. Po zatwierdzeniu Enterem, powstaje nowy plik o nazwie „Wyniki.txt”, gdzie zapisywane są rezultaty symulacji, a następnie na ich podstawie rysowany jest w pierw wykres gęstości obu populacji, a także szkic portretu fazowego tuż po zamknięciu pierwszego wykresu. Warto nadmienić, iż program wymaga zainstalowanego oprogramowania „gnu plot” z dodaną ścieżką do zmiennych systemowych (odpowiednia opcja do wybrania podczas instalacji) do pełnego działania.