

**5B1212 Differentialekvationer och Transformer III**  
**VT05**  
**Inlämningsuppgift 2**

*En bytes- och rovdjursmodell*

BAKGRUND

I denna inlämningsuppgift skall ni studera en modell som beskriver hur populationsstorlekarna hos ett bytesdjur och rovdjur samverkar och påverkar varandra.

Vi låter  $x = x(t)$  beteckna antalet rovdjur och  $y = y(t)$  antalet bytesdjur vid tid  $t$ , där antalet djur räknas i lämplig skala så att variablerna  $x$  och  $y$  är av storleksordning  $\sim 10^0 - 10^1$ . De bägge arterna antas leva i en miljö utan konkurrens eller kontakt med andra djurarter. Rovdjuret lever endast av bytesdjuret i modellen, och bytesdjuret lever av en begränsad resurs i miljön.

Vi antar följande samband

$$(P) \quad \begin{cases} \frac{dx}{dt} = -ax + bxy \\ \frac{dy}{dt} = -cxy + \frac{r}{K} y(K - y) \end{cases},$$

där  $a, b, c, r, K > 0$  är konstanter. Modellen är en modifierad form av den klassiska Lotka-Volterra-modellen (se Zill-Cullen avsnitt 10.4), som var ett av de första försöken att beskriva populationsdynamik för interagerande populationer med differentialekvationer.

Vi är endast intresserade av de lösningskurvor som ligger i första kvadranten  $x \geq 0, y \geq 0$ . (Varför då?)

## UPPGIFTER

1. Formulera och lös de ekvationer som resulterar om
  - (a) rovdjursstammen har utrotats ( $x(t) \equiv 0$ ) respektive
  - (b) bytesdjursstammen har utrotats ( $y(t) \equiv 0$ ).

Rita motsvarande lösningskurvor i fasplanet ( $xy$ -planet). (1 A)

2. Fixera  $a = b = 1/4$  och  $c = 1$ , och undersöka hur modellens egenskaper beror på  $r$  och  $K$ . Din analys skall innehålla bestämning av samtliga relevanta *kritiska punkter* och deras *stabilitetsegenskaper*. Du skall också undersöka göra en *datorstödd numerisk/grafisk analys* som visar hur typiska lösningskurvor i fasplanet ser ut i de olika fall som kan inträffa.

(a) Genomför detta för fallet  $0 < K \leq 1$ . (1 A)

(b) Genomför detta för fallet  $K > 1$ . (1 B)

Till den datorstödda delen av uppgift 2 kan du exempelvis använda programpaketet *Maple*. Under kurshemsidans *Maple*-länk finns tips på lämpliga kommandon och deras syntax.

- Om du använder *Maple* enligt kurshemsidan: För att få en bra plot (inom rimlig tid) är det viktigt att välja lagom långa intervall för  $t$ -variabeln och "bra" värden `stepsize`. Prova er fram; ett  $t$ -intervall `t=0..50` och `stepsize=0.1` fungerade bra för mig i många fall. I vissa fall kan det vara fördelaktigt att sträcka ut tidsintervallet något på negativa sidan, t.ex. `t=-1..10`.

3. Ge en sammanfattande beskrivning av dina resultat och tolka dessa i termer av den biologiska modellen. Ett fullständigt svar skall innehålla:

- En tolkning av differentialekvationerna (P). Vad säger de olika termerna i högerledet? Vad har de ingående konstanterna  $a$ ,  $b$ ,  $c$ ,  $r$  och  $K$  för biologisk signifikans?
- En tolkning av din analys i uppgift 1 och 2. Vilka förutsägelser ger modellen om populationernas utveckling på lång sikt?

(1B)

## FÖR DEN NYFIKNE

Besök sidan <http://www.aw-bc.com/ide/index.html> och klicka dig fram via `Systems of differential equations -> Predator-Prey population models`. Här kan du studera dels riktiga data över har- och lodjurs-populationernas utveckling i Hudson Bay i Kanada under en längre tidsperiod (`Hudson Bay data tool`), och också experimentera med Lotka-Volterras ursprungliga modell (`Lotka-Volterra tool`). Hur skiljer sig Lotka-Volterras ursprungliga modell från den ni har studerat ovan i form och dynamik? (På sidan finns också möjlighet att studera en Lotka-Volterra ekvation modifierad med termer som beskriver exploatering i form av jakt på djurpopulationerna. (`Lotka-Volterra with harvest tool`)).