

EÖTVÖS LORÁND TUDOMÁNYEGYETEM

TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR

ALKALMAZOTT ANALÍZIS ÉS
SZÁMÍTÁSMATEMATIKAI TANSZÉK

POPULÁCIÓS MODELLEK VALÓS
ADATOKKAL

Szakdolgozat



Készítette:
Kéri Tímea
elemző matematikus
hallgató

Témavezető:
Dr. Csomós Petra
egyetemi adjunktus

Budapest
2020

NYILATKOZAT

Név: Kéri Tímea

ELTE Természettudományi Kar, szak: Matematika

NEPTUN azonosító: RNZ9N1

Szakedolgozat címe:

Populációs modellek valós adatokkal

A **szakedolgozat** szerzőjeként fegyelmi felelősségem tudatában kijelentem, hogy a dolgozatom önálló szellemi alkotásom, abban a hivatkozások és idézések standard szabályait következetesen alkalmaztam, mások által írt részeket a megfelelő idézés nélkül nem használtam fel.

Budapest, 2020.05.29



a hallgató aláírása

Tartalomjegyzék

Köszönetnyilvánítás	3
Bevezetés	4
1. Alapfogalmak	5
1.1. Matematikai alapfogalmak, tételek	5
1.2. Biológiai alapfogalmak	10
2. Modellezés	11
2.1. Egymintás modellek	12
2.2. Kétmintás modellek	16
3. Modellillesztés	21
3.1. Korlátlan növekedés	21
3.2. Korlátos növekedés	25
3.3. Lotka–Volterra modell	29
Összefoglalás	34
Irodalomjegyzék	35
Függelék	37

Köszönetnyilvánítás

Szeretném megköszönni elsősorban Dr. Csomós Petrának, hogy elvállalta a szakdolgozatom témavezetését, a kedvességét és a segítséget, amit tőle kaptam egész idő alatt. Köszönettel tartozok völegényemnek Simon Patriknak, aki mindig mellettem állt és támogatta a szakdolgozat megírásában. Külön köszönet a családomnak akik nélkül nem tudtam volna egyetemre járni és a távolság ellenére ott segítettek, ahol tudtak. Hálás vagyok barátaimnak, akik szintén sokszor motiváltak és támogattak.

Bevezetés

A különböző populációk egyedszámát már több éve tartják számon, ugyanis ezen adatok segítségével kinyerhetőek az adott populáció életvitelével kapcsolatos új információk. Ezekből megállapítható az adott fajjal népességének állapota, azaz van-e túlnépesedés vagy drasztikusan csökken az egyedszámuk. Ez azért fontos, mert bizonyos helyzetekben szükséges az emberi közbeavatkozás egy esetleges ökológiai katasztrófa elkerülése érdekében. Az adatok alapján alkotott modellek segítségével lehetnek például egy vadállomány szabályozásában vagy egy vírus terjedésének megállapításához.

Szakdolgozatomban valós adatokra illeszttek különböző ismert populációs modelleket, meghatározom a modellben szereplő paraméterek értékeit, és ezekről levonom a megfelelő következtetéseket. Elsőként ismertetem a témához kapcsolódó alapfoglamakat, mind matematikai, mind biológiai oldalról. Utána bemutatom a felhasznált modellek felépítését és működését. A szakdolgozat második felében megvizsgálom az egymintás, majd a kétmintás modelleket. Egy adott modellt több adatsorra illeszttek, és elemzem a kapott eredményeket. Egyes esetekben összehasonlítok egy adott modellhez tartozó adatsorokból kinyert paramétereket, és ezek egymáshoz viszonyított helyzetét elemzem.

1. fejezet

Alapfogalmak

Az alábbi alfejezetekben azokat a tételeket, definíciókat foglalom össze, amiket felhasználok a szakdolgozatomban. Ezeket két csoportra osztom aszerint, hogy matematikai vagy biológiai fogalomról van szó.

1.1. Matematikai alapfogalmak, tételek

Az alfejezet forrásai a [1], [2], [3], [4] és az [5] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

1.1.1. Definíció. (Folytonosság) Legyen az f függvény folytonos az I intervallumon. Ez azt jelenti, hogy minden $a \in I$ esetén tetszőleges $\epsilon > 0$ -hoz létezik $\delta > 0$ úgy, hogy

$$|f(x) - f(a)| < \epsilon, \text{ ha } x \in (a - \delta, a + \delta) \cap I.$$

1.1.2. Definíció. (Differenciálhatóság) Legyen f valós függvény értelmezve az a pont egy környezetében. Azt mondjuk, hogy az f függvény az a pontban differenciálható, ha a

$$\lim_{x \rightarrow a} \frac{f(x) - f(a)}{x - a} \quad (1.1)$$

véges határérték létezik. A (1.1) határérték az f függvény a pontbeli differenciálhányadosa vagy deriváltja.

Jelölés: $f'(a)$

1.1.3. Definíció. (Elsőrendű differenciálegyenlet) Legyen $\Omega \subset \mathbb{R}^2$ tartomány, $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ folytonos függvény. Keressük az olyan $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ függvényeket, amelyek $D(y)$ értelmezési tartománya nyílt intervallum, y folytonosan differenciálható, minden $x \in D(y)$ esetén $(x, y(x)) \in \Omega$ és

$$y'(x) = f(x, y(x)). \quad (1.2)$$

Ezt a problémát elsőrendű differenciálegyenletnek nevezzük.

Ha valamely x_0 pontban előírjuk a megoldás $y(x_0)$ értékét, akkor rendszerint egyetlen megoldást kapunk.

1.1.4. Definíció. (Primitív függvény) Ha F differenciálható az I intervallumon és $F'(x) = f(x)$ minden $x \in I$ -re, akkor azt mondjuk, hogy F az f függvény primitív függvénye I -n.

1.1.5. Definíció. (Határozatlan integrál) Az f függvény primitív függvényeinek összeségét $\int f dx$ -szel jelöljük, és f határozatlan integráljának nevezzük. Tehát $\int f dx$ függvényének halmaza, mégpedig $F \in \int f dx$ akkor és csak akkor, ha $F' = f$.

1.1.6. Tétel. (Newton–Leibniz-formula) Legyen f integrálható $[a, b]$ -ben. Ha az F függvény folytonos $[a, b]$ -ben, differenciálható (a, b) -ben és $F'(x) = f(x)$ minden $x \in (a, b)$ -re (azaz F az f függvény primitív függvénye (a, b) -ben), akkor

$$\int_a^b f(x) dx = F(b) - F(a). \quad (1.3)$$

1.1.7. Definíció. (Határozott integrál) Legyen $f : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}$ korlátos függvény és $F = (x_0, \dots, x_n)$ egy olyan felosztása az $[a, b]$ intervallumnak, amelyre $a = x_0 < \dots < x_n = b$. Az f függvényt az $[a, b]$ intervallumban Riemann-integrálhatónak (röviden integrálhatónak) nevezzük, ha az f függvény F felosztáshoz tartozó alsó összegének legkisebb felső korlátja és felső összegének legnagyobb alsó korlátja egyenlő. Ezt a számot nevezzük az f függvény $[a, b]$ intervallumhoz tartozó határozott integráljának és $\int_a^b f dx$ -szel jelöljük.

1.1.8. Definíció. (Lipschitz-tulajdonság) Az f függvény Lipschitz-tulajdonságú (röviden: Lipschitzes) az A halmazon, ha van olyan $K \geq 0$ konstans, hogy

$$|f(x_1) - f(x_0)| \leq K \cdot |x_1 - x_0| \quad (1.4)$$

minden $x_0, x_1 \in A$ -ra.

1.1.9. Definíció. (Lokális Lipschitz-tulajdonság) Az $f : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ függvényt a második változójában lokálisan Lipschitz tulajdonságúnak (MVLL) nevezzük, ha minden $(t_0, p_0) \in D$ pontnak létezik $U \subset D$ környezete és létezik $L > 0$, hogy

$$|f(t, p_1) - f(t, p_2)| \leq L|p_1 - p_2|,$$

minden $(t, p_1), (t, p_2) \in U$ esetén.

1.1.10. Tétel. (Picard-Lindeöf) Jelöljön $D \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}$ egy olyan „téglalapot”, melyre:

- $(t_0, y_0) \in D$
- f a második változójában Lipschitz tulajdonságú és folytonos D -n

Ekkor az alábbi kezdeti érték problémának létezik megoldása és egyértelmű valamely $\overline{K}(t_0)$ -on (t_0 egy \overline{K} környezetén)

$$\begin{cases} y'(t) = f(t, y(t)), & t > t_0 \\ y(t_0) = y_0 \end{cases} \quad (1.5)$$

1.1.11. Definíció. (Jacobi-mátrix) Legyen $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^m$ vektorértékű függvény. Ekkor a függvény egyes komponensei:

$$f(x_1, x_2, \dots, x_n) = (f_1(x_1, x_2, \dots, x_n), f_2(x_1, x_2, \dots, x_n), \dots, f_m(x_1, x_2, \dots, x_n)). \quad (1.6)$$

ahol f_i ($i = 1, \dots, m$) folytonos és minden x_j ($j = 1, \dots, n$) esetén differenciálható függvény.

Ekkor az (1.6) függvény parciális deriváltjaiból az alábbi módon egy $m \times n$ -es mátrixot képezhetünk:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_m}{\partial x_1} & \frac{\partial f_m}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_m}{\partial x_n} \end{bmatrix} \quad (1.7)$$

A (1.7) mátrixot Jacobi-mátrixnak nevezzük.

1.1.12. Definíció. (Dinamikai rendszer) Legyen $M \subset \mathbb{R}^n$ tartomány. A $\Phi : \mathbb{R} \times M \rightarrow M$ folytonosan differenciálható függvényt dinamikai rendszernek nevezik az M fázistéren, ha rendelkezik az alábbi két tulajdonsággal:

1. $\Phi(0, p) = p, \quad \forall p \in M,$
2. $\Phi(t + s, p) = \Phi(t, \Phi(s, p)), \quad \forall p \in M, t, s \in \mathbb{R}.$

Az M fázistér a rendszer állapotainak halmaza, a $\mathbb{R} \times M \ni (t, p)$ függvény pedig azt adja meg, hogy melyik állapotba kerül a rendszer a p állapotból indulva t idő múlva.

1.1.13. Definíció. (Autonóm differenciálegyenlet) Legyen $M \subset \mathbb{R}^n$ tartomány, $f : M \rightarrow \mathbb{R}^n$ lokálisan Lipschitz tulajdonságú függvény. Az

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

differenciálegyenletet autonóm differenciálegyenletnek nevezzük, ugyanis az f függvény nem függ explicit módon az időtől.

1.1.14. Definíció. (Stabilitás) A $t \rightarrow \Phi(t, t_0, p_0)$ (azaz (1.2). egyenlet) megoldását stabilnak nevezzük, ha

- $[t_0, +\infty) \subset I(t_0, p_0)$,
- minden $\epsilon > 0$ és $t_1 \in [t_0, +\infty)$ számhoz létezik olyan $\delta > 0$, hogy $(t_1, q) \in D, |q - \Phi(t_1, t_0, p_0)| < \delta$ esetén $[t_1, +\infty) \subset I(t_1, q)$ és $|\Phi(t, t_1, q) - \Phi(t, t_0, p_0)| < \epsilon$, ha $t \geq t_1$.

A megoldást instabilnak nevezzük, ha nem stabil. Aszimptotikusan stabilnak nevezzük, ha stabil és $|\Phi(t, t_1, q) - \Phi(t, t_0, p_0)| \rightarrow 0$, ha $t \rightarrow +\infty$.

1.1.15. Definíció. (Egyensúlyi pont) A $p \in M$ pontot egyensúlyi pontnak, vagy egyensúlyi helyzetnek nevezzük, ha minden $t \in \mathbb{R}$ számra $\Phi(t, p) = p$.

1.1.16. Tétel. (Stabilitás) Tegyük fel, hogy $f : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$ kétszer folytonosan differenciálható autonóm rendszerek és $y^* \in \mathbb{R}^d$ az (1.5) egyensúlyi helyzete (azaz $f(y^*) = 0$). Ekkor ha az $f(y^*) \in \mathbb{R}^{d \times d}$ mátrix λ_i sajátértékeire teljesül, hogy $\operatorname{Re} \lambda_i < 0, i = 1, 2, \dots, d$, akkor y^* egyensúlyi helyzete asszimptotikusan stabil.

Továbbá, ha létezik olyan λ_i , melyre $\operatorname{Re} \lambda_i > 0$, akkor y^* instabil egyensúlyi helyzet.

1.1.17. Definíció. (Pálya vagy trajektória) Legyen $p \in M$. A $\Phi(t, p) : t \in \mathbb{R}$ görbét a p pont pályájának vagy trajektóriájának nevezzük.

1.2. Biológiai alapfogalmak

Az alfejezet forrásai a [6] és a [7] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

Mivel a szakdolgozat biológiai témát érint, ezért érdemes néhány fogalmat bevezetni a könnyebb megértéshez.

Faj: A biológiában a faj a biológiai rendszerezés alapegységei közé tartozik, egyben taxonómiai szint. A leggyakoribb értelmezés szerint élőlények olyan csoportja, melynek egyedei képesek szaporodni egymással, és termékeny utódokat létrehozni.

Populáció: A populáció valamilyen vizsgálati szempont szerint azonosnak tekintett élőlények halmaza; általában valamely fajnak vagy az embereknek egy bizonyos jól körülhatárolható csoportja. Az emberi populációt népeségnek nevezik.

Vírus: A vírus szubmikroszkopikus biológiai organizmus, amely nem sejt szerveződésű, és csak parazitaként az élőlények sejtjeiben képes szaporodni.

Pandémia: A pandémia valamely fertőző betegség okozta olyan járvány, amely nagyon nagy terület populációját fertőzi meg, akár egy vagy több kontinensét.

Koronavírus: A koronavírus a *Coronaviridae* család *Orthocoronavirinae* alcsaládjába tartozó fajok általános elnevezése.

COVID-19: Egy vírusos, légúti illetve légzőszervi megbetegedés, amelyet a SARS-CoV-2 nevű koronavírus okoz.

2. fejezet

Modellezés

Ha vizsgáljuk egy populáció méretét, akkor megfigyelhetjük hogy mérete különböző események hatására változik, ilyen például a születés, halálozás vagy a ki- és bevándorlás. A populáció adott időpontokban feljegyzett méretéhez általában jól illeszthető egy-egy modell, ami segít abban, hogy megállapítsunk különböző biológiai állandókat, mint például a növekedési vagy halálozási rátát. Ez az érték fontos lehet az adott faj egyedszámának megbecsléséhez a későbbi kutatások során.

A modellfelállításnál fontos megjegyezni, hogy általában egyedszámra határozzuk meg a populáció méretét, ami természetesen egész szám, de a modell egy folytonos függvény, ami természetesen adhat (és általában ad is) nem egész számokat. Ezekben az esetekben relatív egyedszámot nézünk a teljes populációhoz képest.

A populációmodellezést két csoportra bonthatjuk aszerint, hogy önmagában vizsgálunk egy populációt vagy egy másik populációval (vagy populációkkal) együtt. Az előbbit nevezzük egymintás populációnak, utóbbit pedig többmintás populációnak. A szakdolgozat az egy- és kétmintás populációmodellezést taglalja.

2.1. Egymintás modellek

Az alfejezet forrásai a [2] és a [10] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

Egymintás modellek esetében egy populáció létszámát vagy méretét vizsgáljuk. Többféle egymintás modell ismert, ebből kettőt mutatok be: a korlátlan és a korlátos növekedést.

A meghatározáshoz fontos definiálnunk egy függvényt, ami az idő függvényében mutatja az adott faj egyedszámát. Legyen ez a függvényt $N(t)$, amelyre teljesül, hogy $N : \mathbb{R}_0^+ \rightarrow \mathbb{R}$. Szükségünk van egy k paraméterre is, ahol $k \in \mathbb{R}$, ami a biológiai együttható lesz, az alábbiakban a növekedési ráta. Ez határozza meg, hogy milyen ütemben nő vagy csökken a populáció mérete.

Korlátlan növekedés

Korlátlan növekedés esetén csak a születést vesszük figyelembe a populációban, azaz nem vesszük figyelembe olyan tényezőket, ami csökkentené a populáció méretét. Az egyedszám pillanatnyi időbeli megváltozása ebben az esetben egyenesen arányos a születések számával.

A megoldandó differenciálegyenlet:

$$N'(t) = k \cdot N(t)$$

$$N(0) = N_0$$

ahol $k > 0$, $t > 0$ és N_0 a populáció kezdeti értéke.

Az egyensúlyi helyzet $f(N^*) = 0$.

Az 1.1.16. Tétel alapján megállapítható a stabilitás:

$$f(N) = k \cdot N$$

$$f'(N) = k$$

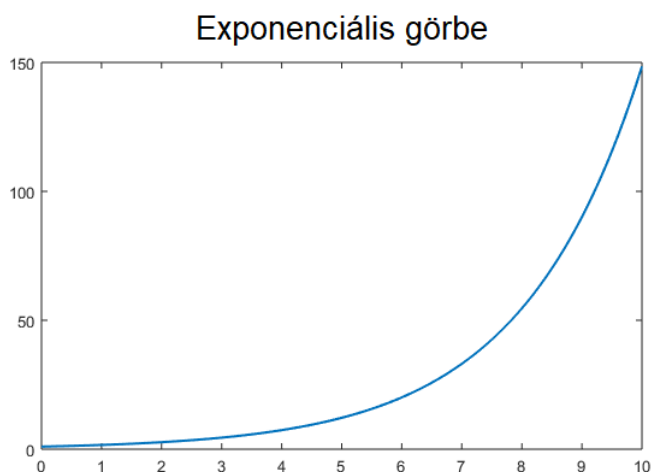
Ebből következik, hogy $f'(N^*) = f'(0) = k \in \mathbb{R}^{1 \times 1}$. A mátrix sajátértéke k , aminek a valós része $k > 0$, amiből megállapítható, hogy az egyensúlyi helyzet instabil.

Az egyenlet megoldása:

$$N(t) = e^{kt} \cdot N_0 \quad (2.1)$$

ahol $N_0 > 0$ a populáció kezdeti értéke.

A differenciálegyenlet megoldása egy exponenciális függvény. A görbe alakja a 2.1. ábrán látható.



2.1. ábra.

Az egymintás modellek esetében teljesül, hogy Δt időegység esetén teljesül az alábbi egyenlőség:

$$N(t + \Delta t) = N_0 \cdot e^{k(t+1)} = N_0 \cdot e^{kt} \cdot e^{k\Delta t} = N(t) \cdot e^{k\Delta t}$$

Ha például $\Delta t = 1$, akkor teljesül, hogy egy időegység alatt e^k -szorosára változik a populáció.

Ilyen populáció a természetben ritkán fordul elő, leginkább tudományos kísérletek során tapasztalható, mert kevés olyan populáció van, ami korlátlanul növekedne állandóan, ugyanis hatással vannak rá a környezet adta korlátok, ami lehet az élőhelyének területe, ivóvíz vagy táplálék mennyisége. Ha ezeket a feltételeket is beleszámítjuk a populáció méretébe, akkor korlátos növekedést kapunk. Ezt vizsgáljuk meg a következő alfejezetben.

Korlátos növekedés

Pierre François Verhulst volt az első, aki lejegyezte a korlátos növekedést és publikálta 1838-ban „Notice sur la loi que la population suit dans son accroissement” című művében [10]. Publikációjában Belgium népességének növekedését tanulmányozta.

Korlátos növekedés esetén nemcsak a populáció születési rátáját vesszük figyelembe, hanem egy olyan tényezőt is, ami nem engedni a végtelenségig növekedni az egyedszámot.

Kiszámolható, hogy mi az az érték, ami fölött nem tud hosszútávon létezni a faj a korlátozó tényezők miatt. Legyen ez az érték $K > 0$, vagyis az eltartható képesség határa.

Ebben az esetben is elmondható, hogy a születések száma egyenesen arányos az egyedszám pillanatnyi időbeli megváltozásával, de befolyásolja valamilyen korlátozó tényező is.

A megoldandó differenciálegyenlet:

$$N'(t) = k \cdot N(t) \cdot (K - N(t)) = f(N(t))$$

Az egyensúlyi helyzetek meghatározása:

$$f(N) = k \cdot N \cdot (K - N) = 0$$

Ebből következik, hogy az egyensúlyi helyzetek $N_1^* = 0$ és $N_2^* = K$.

A stabilitás az 1.1.16. Tétel alapján megállapítható.

Az $N_1^* = 0$ esetén az egyensúlyi helyzet stabilitása:

$$f'(N_1^*) = f'(0) = k \cdot K - 2 \cdot k \cdot 0 = k \cdot K$$

Mivel $k \cdot K \in \mathbb{R}^{1 \times 1}$, ezért a mátrix sajátértéke $k \cdot K$, aminek a valós része $k \cdot K > 0$, amiből következik, hogy az egyensúlyi helyzet instabil.

Az $N_1^* = K$ esetén az egyensúlyi helyzet stabilitása:

$$f'(N_2^*) = f'(K) = k \cdot K - 2 \cdot k \cdot K = -k \cdot K$$

Mivel $-kK \in \mathbb{R}^{1 \times 1}$ ezért a mátrix sajátértéke $-kK$, aminek a valós része $-kK > 0$, amiből következik, hogy az egyensúlyi helyzet aszimptotikusan stabil. A differenciálegyenletet szétválasztható típusú, ezért az alábbiak szerint oldjuk meg:

$$N' = k \cdot N(K - N)$$

$$\int \frac{1}{N(K - N)} dN = \int k dt$$

$$N(t) = \frac{K}{1 + c \cdot e^{-kKt}}$$

ahol $c \in \mathbb{R}$.

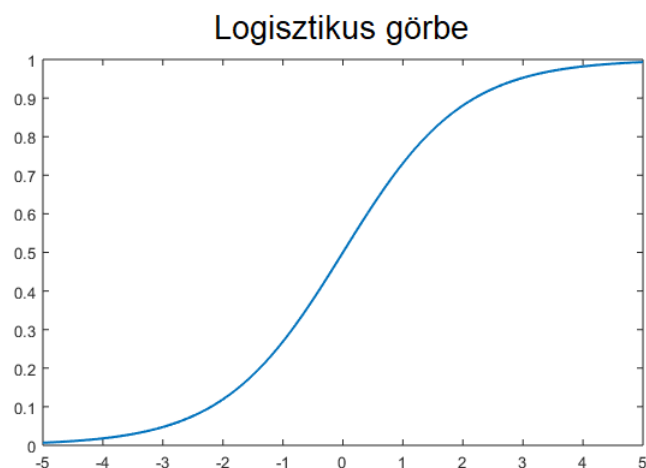
A kezdeti feltétel $N(0) = N_0$ adott és $N_0 > 0$, ezért megállapítható, hogy $c = \frac{K}{N_0} - 1$.

Behelyettesítve az alábbi egyenlet lesz a megoldás:

$$N(t) = \frac{K}{1 + \left(\frac{K}{N_0} - 1\right) \cdot e^{-k \cdot K \cdot t}}, \quad (2.2)$$

ahol N_0 a populáció kezdeti értéke.

Az 2.2 ábrán látható görbét logisztikus görbének vagy szigmoidnak nevezzük, ami a megoldás alakja.



2.2. ábra.

2.2. Kétmintás modellek

Az alfejezet forrásai [2] és a [11] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

Kétmintás modellek esetében két populációt viszonyítunk egymáshoz. A legelterjedtebb kétmintás modell a Lotka–Volterra modell.

Lotka–Volterra modell

Egy olasz biológus, Umberto D’Ancona megfigyelte a kikötőkben kifogott halak arányát. Mikor az I. világháború zajlott, észrevette, hogy bizonyos tengeri fajok száma megnőtt a többi faj egyedszámához képest. Az volt a sejtése, hogy ez a megfigyelés kapcsolatban áll a kisebb halak halászatának csökkenésével. Egy matematikushoz fordult a problémával, név szerint Vito Volterrához, aki megalkotta az ismert Lotka–Volterra modellt 1926-ban. Ugyanezt a modellt publikálta Alfred J. Lotka 1910-ben, aki kémiai reakciók során vette észre az összefüggést. Volterra Lotkától függetlenül fejlesztette ki a modellt és arra használta, hogy elmagyarázza Anconának az általa tapasztalt jelenség hátterét.

A modellt más néven zsákmány–ragadozó modellnek is nevezik, ugyanis jól lehet vele közelíteni a ragadozók és a prédák egymáshoz viszonyított egyedszámát.

Például legyen a ragadozó a róka, a zsákmányállat pedig a nyúl. Ha egy erdőben sok nyúl születik és ezáltal megnő a populáció mérete, a rókáknak elegendő tápláléka lesz ahhoz, hogy növekedjen az egyedszámuk. Ennek a növekedésnek eredménye az lesz, hogy elszaporodnak a rókák az erdőben és emiatt hirtelen lecsökken a nyúlpopuláció. Ha kevés a nyulak egyedszáma, a rókáknak már nem jut elegendő élelem, ezért az rókapopuláció is lecsökken. Ennek hatására a nyulak egyedszáma növekedésnek indul. Ez a folyamat ismétlődik, a periodikusság modellenként eltér.

Vezessük be az alábbi jelöléseket:

- $z(t)$ a zsákmányállatok egyedszáma a t idő függvényében
- $r(t)$ a ragadozók egyedszáma a t idő függvényében

A Lotka–Volterra modell esetében a zsákmány populációjának mérete függ a születéstől és a ragadozók általi haláltól, a ragadozók egyedszáma pedig a természetes haláltól és a születéstől, ami a zsákmánytól függ.

A megoldandó differenciálegyenlet:

$$\begin{cases} z'(t) = a \cdot z(t) - b \cdot z(t) \cdot r(t) \\ r'(t) = c \cdot r(t) \cdot z(t) - d \cdot r(t) \end{cases} \quad (2.3)$$

ahol $a, b, c, d > 0$ az adott populációra jellemző paraméterek.

Az egyensúlyi helyzet meghatározásához hozzuk $y' = f(y)$ alakra:

$$y(t) = \begin{bmatrix} z(t) \\ r(t) \end{bmatrix},$$

ahol $y : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^2$ ($d = 2$):

$$\begin{cases} az^* - bz^*r^* = 0 \\ cr^*z^* - dr^* = 0 \end{cases}$$

Az egyenletrendszer megoldásai, azaz az egyensúlyi helyzetek:

$$(z_1^*, r_1^*) = (0, 0)$$

$$(z_2^*, r_2^*) = \left(\frac{d}{c}, \frac{a}{b}\right), \quad (2.4)$$

ahol $\frac{a}{b}, \frac{d}{c} > 0$. Az egyenletrendszer Jacobi-mátrixa:

$$f'(y) = f'(z, r) = \begin{bmatrix} \partial_z f_1 & \partial_r f_1 \\ \partial_z f_2 & \partial_r f_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a - br & -bz \\ cr & cz - d \end{bmatrix}.$$

Behelyettesítve az egyensúlyi pontokat a Jacobi-mátrixba:

$$f'(y_1^*) = f'(0, 0) = \begin{bmatrix} a & 0 \\ 0 & -d \end{bmatrix}$$

Látható, hogy a mátrix sajátértékei $\lambda_1 = a$ és $\lambda_2 = -d$. A λ_1 valós része pozitív, λ_2 valós része negatív. Az $y_1^* = (z_1^*, r_1^*)$ egyensúlyi helyzetről az 1.1.16. Tétel miatt megállapítható, hogy instabil.

A másik egyensúlyi helyzet:

$$f'(y_2^*) = f'\left(\frac{d}{c}, \frac{a}{b}\right) = \begin{bmatrix} a - b\frac{a}{b} & -b\frac{d}{c} \\ c\frac{a}{b} & c\frac{d}{c} - d \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & -b\frac{d}{c} \\ c\frac{a}{b} & 0 \end{bmatrix}$$

Tehát a mátrix sajátértékei az alábbi egyenletből adódnak:

$$\det(A - \lambda_i) = \begin{vmatrix} -\lambda & -b\frac{d}{c} \\ c\frac{a}{b} & -\lambda \end{vmatrix} = \lambda^2 + b\frac{d}{c}\frac{a}{b} = \lambda^2 + ad = 0$$

A mátrix sajátértékei $\lambda_1 = i\sqrt{ad}$ és $\lambda_2 = -i\sqrt{ad}$. Az 1.1.16. Tételből következik, hogy $y_2^* = (z_2^*, r_2^*)$ egyensúlyi helyzet stabil. Az egyenletrendszert az alábbiak szerint oldhatjuk meg:

Mivel $z'(x)$ nagyobb, mint 0, ezért

$$\frac{r'(t)}{z'(t)} = \frac{r(t)(cz(t) - d)}{z(t)(a - br(t))} \implies r'(z) = \frac{r(t)}{a - br(t)} \cdot \frac{cz(t) - d}{z(t)}.$$

A szétválasztás módszerével oldható meg a differenciálegyenlet:

$$\int \frac{a - br}{r} dr = \int \frac{cz - d}{z} dz$$

$$a \cdot \int \frac{1}{r} dr - b \int 1 dr = c \int 1 dz - d \int \frac{1}{z} dz$$

$$a \cdot \ln |r| - br = cz - d \cdot \ln |z| + C,$$

ahol $C \in \mathbb{R}$.

Mivel létező populációt vizsgálunk, ezért $r, z > 0$. Emiatt az egyenletrendszer ismeretlen függvényei között az alábbi kapcsolat áll fenn minden $t \geq 0$:

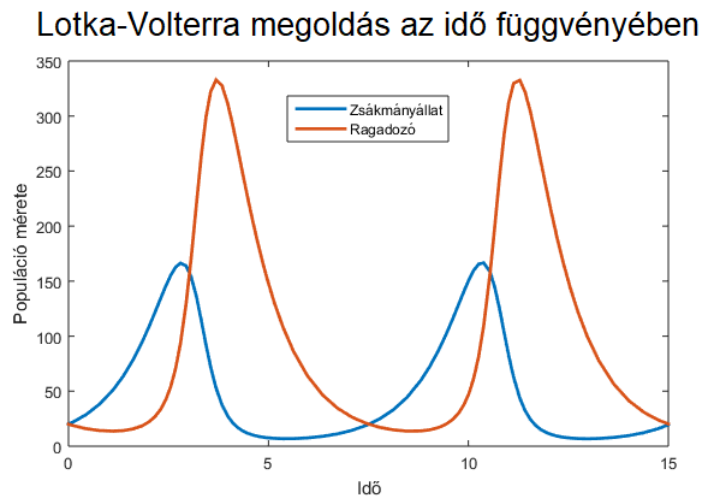
$$a \cdot \ln(r(t)) - b \cdot r(t) - c \cdot z(t) + d \cdot \ln(z(t)) = T. \quad (2.5)$$

Mivel $\forall t \geq 0$, ezért $t = 0$ esetben is teljesül az egyenlőség:

$$a \cdot \ln(r_0) - b \cdot r_0 - c \cdot z_0 + d \cdot \ln(z_0) = T, \quad (2.6)$$

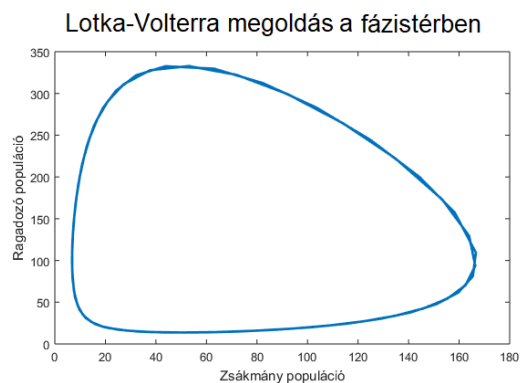
ahol $a, b, c, d > 0$, $T \in \mathbb{R}$ és r_0, z_0 a kezdeti feltétel értékei. A T konstans csak a kezdeti értéktől függ.

Az 2.3. és 2.4. ábrák megmutatják, milyen alakja van ennek a modell megoldásának az idő, illetve a két populáció függvényében.



2.3. ábra.

Az ábrán jól látszik a periodikusság, és könnyen leolvasható, hogy adott t időben mekkora volt a ragadozók és a zsákmányok egyedszáma.



2.4. ábra.

A 2.4. ábrán is látszik a periodikusság és az egyedszám, de értelmezése különbözik az előzőtől. Kiválasztjuk a görbe egy pontját és elindulunk a vonalán. Ha a bal alsó sarokból indulunk akkor láthatjuk, hogy ahogy haladunk jobbra a zsákmányállat egyedszáma erősen növekszik és a ragadozóké is lassan emelkedik. Aztán egy t idő után a zsákmányállatok egyedszáma hirtelen csökkenésnek indul, de a ragadozóké még emelkedik. Végül a ragadozóké is drasztikusan csökken, amit a zsákmányállatok számának növekedése követ. Ez ismétlődik periódikusan.

Míg a korábbi esetekben analitikusan határoztam meg a megoldást, Lotka–Volterra esetében ez nem lehetséges, ezért numerikus módszert használtam. Analitikusan a (2.5) összefüggést lehet meghatározni, ami éppen a 2.4. ábrának felel meg.

3. fejezet

Modellillesztés

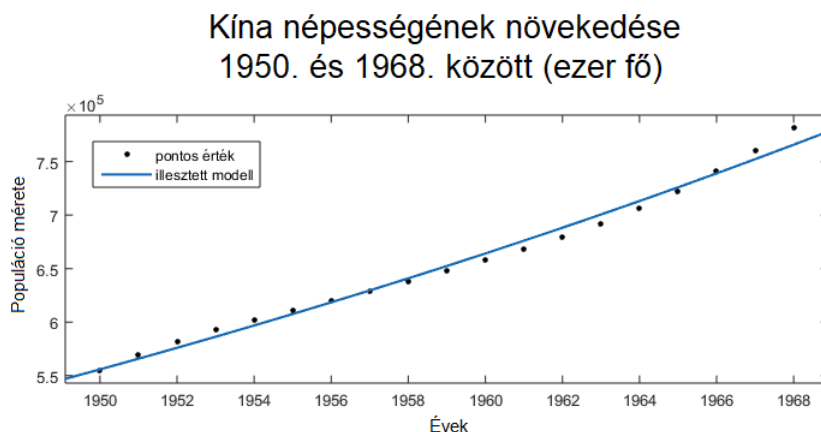
A következő oldalakon bemutatásra kerülnek a valós helyzetekből vett adatok, és ezekre illeszttek modelleket és elemzem a kapott eredményt. A felhasznált adatok megtalálhatóak a szakdolgozat végén a függelékben. A fejezetben szó lesz arról, hogy egy populációs adathalmazból hogyan tudunk leszűrni információkat, biológiai értékeket matematikai módszerekkel. A kapott modelleket végül ábrázoltam az ismert adatokkal. Az ábrázolást Matlab segítségével készítettem el. A korlátlan és korlátos növekedés esetén cftool segítségével illeszttem a modellt. Ez a beépített program a megfelelő függvénytípus beírása után illeszt az adatokra és kiírja a megfelelő paramétereket 95%-os a konfidenciaintervallum (vagy valószínűségi intervallum) megadásával. A Lotka–Volterra esetén összetettebb volt az illesztés, több kódot is használtam a számoláshoz.

3.1. Korlátlan növekedés

Az alfejezet forrásai a [7], [8], [9] és a [12] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

Az alábbi három esetben megfigyelhetjük a populációk méretének növekedését. Az adatok által leírt görbékről elmondhatóak, hogy exponenciális alakjuk van, ezért a korlátlan növekedés modelljét, azaz a 2.1. ábrán látható függvény alakjával megegyező függvényt próbálom rájuk illeszteni és meghatározni a paramétereit.

Kínában 1979-ben vezették be az egykepolitikát, ami erősen szabályozta a populáció méretét. Az évenkénti népességnövekedés csökkenése, azonban már megfigyelhető 1968-tól, amikor meggyengült az a politikai párt, ami szorgalmazta, hogy a szülők vállaljanak minél több gyermeket. Az 3.1. ábra szemlélteti a népesség méretének változását 1950-től 1968-ig, amikor a kínai családok jellemzően több gyereket neveltek.



3.1. ábra.

Az illesztett modell megoldása:

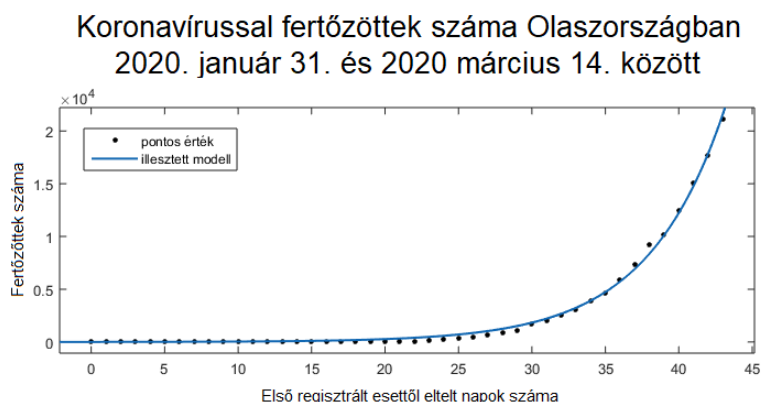
$$\dot{N}(t) = 554419 \cdot e^{0,018 \cdot t},$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti értéke a populációnak 554419, az emelkedési ráta a modell szerint 0,018. Ez azt jelenti, hogy 1950-ben 554419000 fő volt a lakosság mérete, és ez évről évre $e^{0,018} \approx 1,0182$ -szer nagyobb lett, vagyis minden évben körülbelül 1,82%-kal nő a populáció egyedszáma.

2019 decemberében egy új típusú tüdőgyulladással járó vírust dokumentáltak, aminek a kiindulási pontja a kínai Hupej tartománybeli Vuhan volt. A vizsgálatok kimutatták, hogy ez egy koronavírusstörzs eddig emberben nem azonosított formája, amit COVID-19-nek neveztek el, de több felületen is „koronavírus”-ként hivatkoznak rá. (A szakdolgozat további részében én is így fogok utalni rá.) A továbbiakban a koronavírussal fertőzötteket egy populációnak tekintem, és illesztek modellt az adatokra.

Európán belül az egyik legtöbb megerősített esetet Olaszországban regisztrálták. Sajnos a rengeteg óvintézkedés ellenére sem tudták megfékezni a vírus robbanásszerű terjedését. Az 3.2. ábrán látható a regisztrált esetek száma és a rá illesztett modell 2020. január 31. és 2020. március 14. között:



3.2. ábra.

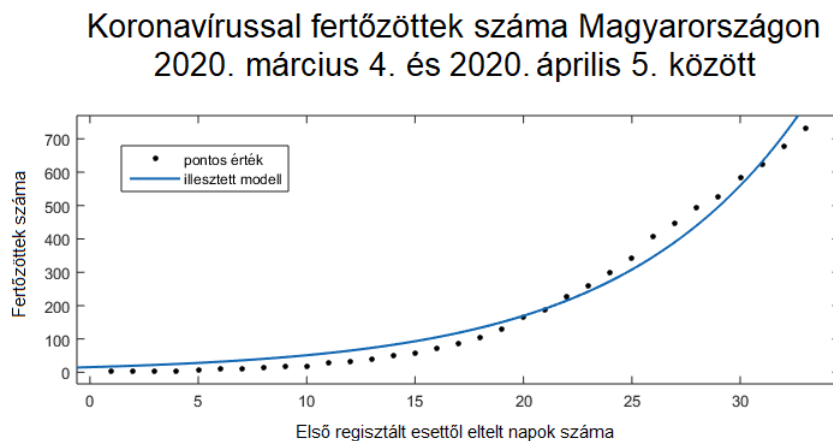
Az illesztett modell megoldása:

$$\dot{N}(t) = 2 \cdot e^{0,1898t},$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti értéke a populációnak 2, az emelkedési ráta a modell szerint 0,1898. Ez azt jelenti, hogy az első napon, amikor regisztrálták a vírust az országban összesen 2 hivatalos fertőzött volt, és ez a szám $e^{0,1898} \approx 1,209$ -szer lett napról napra magasabb, vagyis százalékban kifejezve a betegek száma több, mint 20%-kal lett több naponta. Ez az érték is jelzi, hogy mennyire gyors a vírus terjedése az országban.

A koronavírus Magyarországot sem kerülte el, március 4.-én mutatták ki az első fertőzött személyt hazánkban. Országunkban a fertőzöttek száma és a rá illesztett modell a 3.3. ábrán látható.



3.3. ábra.

Az illesztett modell megoldása:

$$N(t) = 2 \cdot e^{0,1195t},$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti értéke a populációnak 2, az emelkedési ráta az illesztett modell szerint 0,1195. Ez azt jelenti, hogy az első napon a regisztrált fertőzöttek száma 2 volt és naponta emelkedett $e^{0,1196} \approx 1,127$ -szeresre a betegek száma, azaz 12,7%-kal.

Érdeemes összehasonlítani a két ország adataira számolt modelleket. Először vessük össze a kapott ábrákat. Az 3.2. ábrán látható, hogy kezdetben alacsony volt a megbetegedettek száma, aztán a 20 – 25. napon kezdett el emelkedni és a 35. napon már ugrásszerűen nőtt a fertőzöttek száma. A 3.3. ábrán már az első 5 – 10. napon megfigyelhetjük a növekedést, de ez a későbbiekben nem válik olyan erőteljessé, mint Olaszországban. Ha megnézzük az értékeket mindkét ábrán a 30. nap környékén, láthatjuk, hogy

míg Olaszországban ezres nagyságrendű a fertőzött esetek száma, hazánkban ezer alatti, vagyis utóbbi esetben lassabb volt a terjedés. Ezt igazolják az emelkedési ráták is, ugyanis az Olaszországnál megállapított ráta 0,1898 és a növekedés körülbelül 20%-os, míg Magyarország esetében 0,1195 volt a növekedési ráta és 12%-os a növekedés.

3.2. Korlátos növekedés

Az alfejezet forrása a [12] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

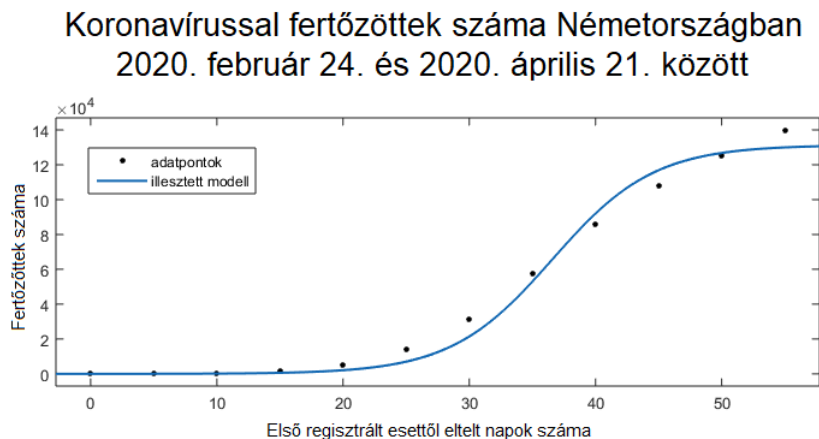
A következő három példában a korlátos növekedésre nézek meg példákat. Az adatok által leírt görbékről elmondhatóak, hogy logisztikus alakjuk van, ezért a korlátos növekedés modelljét, azaz 2.2. ábrán látható függvény alakjával megegyező függvényt próbálom az adatokra illeszteni és meghatározni a paramétereit. Ezekben az esetekben majd megfigyelhetjük, hogy csak kis t esetén lesz exponenciális a kapott függvény, nagyobb t esetén láthatjuk, hogy a függvényértékek K -hoz tartanak. Ehhez meg kell vizsgálni a (2.2) határértékét:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{K}{1 + \left(\frac{K}{N_0} - 1\right) \cdot e^{-k \cdot K \cdot t}} = K,$$

mivel a formulában csak az $e^{-k \cdot K \cdot t}$ kifejezés tartalmazza a t -t, ami $t \rightarrow \infty$ esetében 0-hoz tart.

Szerencsére már több országban is lelassult a vírus terjedése. A terjedés egy természetes korlátja az adott terület maximális esetszáma. Természetesen nemcsak ez határozza meg K korlát értékét. A járvány idejére hozott intézkedéseknek köszönhető, hogy le tudták csökkenteni a terjedés mértékét és egyre kevesebb ember fertőződött meg, azaz K korlát ennek hatására nem a maximális esetszámmal lesz egyenlő, hanem annál egy kisebb értéket vesz fel.

Németország Olaszország mellett az egyik legtöbb regisztrált fertőzöttel rendelkező ország. Németországban a fertőzöttek számát és az illesztett modellt február 24. és április 21. között az 3.4. ábra szemlélteti:



3.4. ábra.

Ha megvizsgáljuk a 3.4. ábrát, már nem exponenciális növekedésről van szó (2.1. ábra), hanem logisztikus növekedésről (2.2. ábra). Látható, hogy a görbe egy idő után már veszít a meredekségéből.

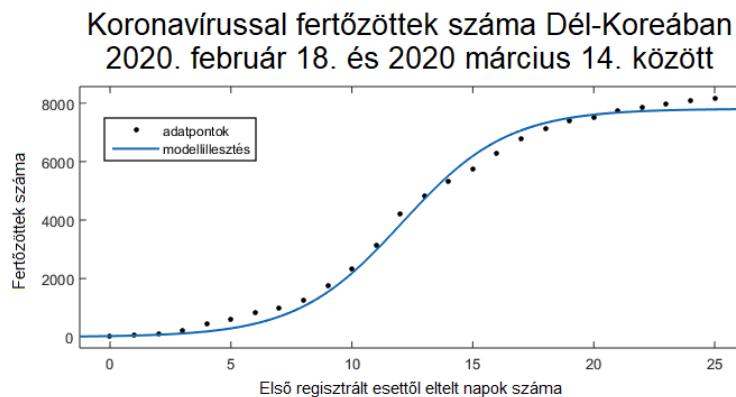
Az illesztett modell megoldása:

$$N(t) = \frac{131300}{1 + 8205,25 \cdot e^{-0,2482 \cdot t}},$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti populáció 16, a K korlát 131300, a k növekedési ráta $1,89 \cdot 10^{-6}$, amit a $0,2482 = K \cdot k = 131300 \cdot k$ egyenlet megoldásából kapunk. Azt jelentik a kapott paraméterek, hogy kezdetben a fertőzöttek száma 16 volt, és a vizsgált időszak első részében az exponenciálishoz hasonlóan emelkedett a napi megbetegedések száma, körülbelül $e^{0,2482} \approx 1,2817$ -szeresére. Viszont ebben az esetben figyelembe vesszünk egy $K = 131300$ korlátot, ezért az időszak második részében az új fertőzöttek száma naponta csökken.

Dél-Koreában is hasonlót tapasztalhatunk, bár ebben az országban már korábban lelassult a terjedés. A fertőzöttek számát és az illesztett modellt a 3.5. ábra mutatja meg 2020. február 18 és 2020. március 14. között.



3.5. ábra.

Az illesztett modell megoldása:

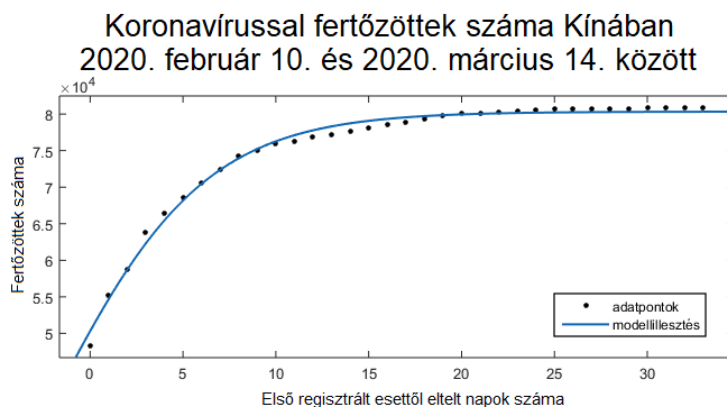
$$N(t) = \frac{7809}{1 + 251,9032 \cdot e^{-0,4581 \cdot t}},$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti populáció 31, a K korlát 7809, a k növekedési ráta $5,8663 \cdot 10^{-5}$, amit a $0,4581 = K \cdot k = 7809 \cdot k$ egyenlet megoldásából kapunk. Ez azt jelenti, hogy kezdetben a megbetegedettek száma 31 volt, és a vizsgált időszak első felében az exponenciálisához hasonlóan növekedett a napi fertőzöttek száma, körülbelül $e^{0,4581} \approx 1,5811$ -szeresére. Ennél a példánál azonban figyelembe kell venni a $K = 7809$ korlátot, ami miatt a vizsgált időszak második felében már csökken a napi megbetegedések száma.

Kína esetében nem a járvány kezdetétől modelleztem az adatokat, hanem amikor már jelentősen emelkedett napról napra az új megbetegedések száma. Azért választottam így az adatokat, hogy megmutassam, hogy nemcsak a 3.4 és a 3.6. ábrához hasonló adatpontokat lehet jól közelíteni logisztikus görbével.

Kínában az alábbiak szerint alakult a fertőzöttek száma és a rá illesztett modell 2020. február 10. és 2020. március 14. között:



3.6. ábra.

Az illesztett modell megoldása:

$$N(t) = \frac{803300}{1 + 16,626 \cdot e^{-0,2415 \cdot t}}$$

ahol $t > 0$.

A kezdeti populáció 48315, a K korlát 803300, a k növekedési ráta $3,0063 \cdot 10^{-6}$, amit a $0,2415 = K \cdot k = 803300 \cdot k$ egyenlet megoldásából kapunk. A meghatározott paraméterek azt jelentik, hogy a fertőzöttek száma 48315 volt az első napon a vizsgált időszakban. Ennél a példánál jelentős növekedést tapasztalunk az első harmadban, ami körülbelül $e^{0,2415} \approx 1,2731$ -szeresére emelkedett az új megbetegedések száma naponta. Ezután a $K = 803300$ korlát hatására kezd a napi új esetek száma csökkenni. Az illesztett modelleknél láthattuk, hogy a kapott K paraméterek értéke jó egyezést mutat a mérési adatokkal.

3.3. Lotka–Volterra modell

Az alfejezet forrása a [13] szám alatt található az irodalomjegyzékben.

A korábbi adatsorokkal ellentétben a következő példában nem egy faj populációjának méretét modellezzük, hanem két különböző állatfaj egyedszámát vizsgáljuk, ugyanis a populációknak az egyedszáma függ egymástól. Ebben a példában a Hudson's Bay Company sarki hiúz és a hócipős nyúl szörmeleadását [13] vizsgáljuk. Ha több a nyúl, akkor több állatot tudnak felhasználni szörmekészítéshez, emiatt megnövekszik a szörmeladás. Emiatt alkalmas az adatsor a Lotka–Volterra modell illesztésére, ugyanis a szörmeladás mértéke követi a populáció méretének változásait. Legyen a hiútból előállított szörmek eladott száma $r(t)$ a t időpontban, a nyútból előállított szörmek eladott száma $z(t)$ a t időpontban. Ennél az adathalmaznál már más módszert használtam a modellillesztéshez. Először megbecsültem a a, b, c, d és az egyensúlyi pontokat paramétereket az adatok alapján. Legyenek ezek a becsült paraméterek $a_b, b_b, c_b, d_b, z_e, r_e$.

Az adathalmaz kezdő értékei $z(0) = 30$ és $r(0) = 4$.

Az egyensúlyi pontokat az adatok diszkrét átlagával közelítem. Az átlag az adatpontok összegének n -ed része. Tehát ha elosztjuk a periódusban található egyedszámok összegét az adatok számával, ami a periódus hossza években, akkor megkapjuk hogy mekkora lenne az egyedszám, ha minden évben ugyanakkora lenne a populáció mérete. Ezt nevezzük diszkrét átlagnak és ezzel közelítem az integrálható függvény függvényértékeiből (integrállal) kiszámítható átlagot:

$$\frac{1}{T_r} \cdot \int_0^{T_r} r(t) \approx \frac{1}{n \cdot \Delta t} \cdot \sum_{i=1}^n r(i \cdot \Delta t) \cdot \Delta t = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n r(i \cdot \Delta t) \approx \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n r_i \quad (3.1)$$

ahol T_r a hiúzpopuláció periódusa, n az adatpontok száma, r_i az i . adatpont $i = 1, 2, \dots, n$.

Ugyanígy becsülhető a nyulak esetében az egyensúlyi pont, legyen a nyúlpopuláció periódusa T_z és az $r(t)$ integrálja helyett $z(t)$ integrálját közelítjük.

Legyen a T_z periódus 1903-tól 1912-ig terjedő időszak, és T_r periódus 1904-től 1914-ig terjedő időszak. Ekkor a (3.1) levezetéséből kapott egyensúlyi pontok:

$$z_e = 34,56 \quad r_e = 22,13 \quad (3.2)$$

Az a_b paramétert egy olyan időpontban becsüljük meg, amikor a nyulak száma növekszik, miközben alacsony a hiúzok száma, ugyanis ilyen esetben a hiúzok alacsony száma miatt az egyedszámukat 0-val becsüljük azaz $r \approx 0$. Ebből következik, hogy a $z'(t) = a \cdot z(t) - b \cdot z(t) \cdot r(t)$ egyenlet $b \cdot z \cdot r$ része 0-val becsülhető:

$$z'(t) = a \cdot z(t) - b \cdot z(t) \cdot r(t) \approx a \cdot z(t).$$

Ebből kiszámolható, hogy

$$z(t) = z(0) \cdot e^{a_b t}. \quad (3.3)$$

ahol 1910-ben a nyulak száma 27,1, a hiúzoké 7,4, 1911-ben a nyúlpopuláció mérete 40,3, a hiúzoké 8. Behelyettesítve a (3.3) egyenletbe az alábbi egyenletet kapjuk:

$$40,3 = 27,1 \cdot e^{a_b}$$

Az egyenlet megoldásából megkapjuk, hogy $a_b = 0,397$.

Hasonlóképpen becsüljük meg a d_b paramétert is. Ebben az esetben egymás utáni csökkenő értékeket keresünk, mert ekkor a nyúlpopuláció alacsony és 0-val becsülhető, azaz $z \approx 0$. Emiatt a $r'(t) = c \cdot r(t) \cdot z(t) - d \cdot r(t)$ egyenlet $c \cdot r(t) \cdot z(t)$ tagja 0-val becsülhető:

$$r'(t) = c \cdot r(t) \cdot z(t) - d \cdot r(t) \approx -d \cdot r(t) \approx -d \cdot r(t)$$

Ebből következik, hogy

$$r(t) = r(0) \cdot e^{-d_b t} \quad (3.4)$$

1905-ben a nyulak száma 20,6, a hiúzoké 41,7, 1906-ban a nyúlpopuláció 18,1, a hiúzoké 19. Behelyettesítve a (3.4) egyenletbe az alábbi egyenletet kapjuk:

$$19 = 41,7 \cdot e^{-d_b}$$

Az egyenlet megoldásából kapjuk, hogy $d_b = 0,786$.

Látható, hogy a (3.3) és a (3.4) egyenletek éppen (2.1) alakúak, azaz a korlátlan növekedés modelljével becsüljük meg az a_b és d_b paramétereiket.

A b és c paraméterek becsléséhez a (2.4) megoldást használjuk, azaz, hogy az $z_e = \frac{a}{b}$ és $r_e = \frac{d}{c}$. Behelyettesítve a (3.2) becsült egyensúlyi helyzeteket és az a, d paramétereket, megkapjuk b és c becsült értékeit is.

$$b_b = 0,0179 \quad c_b = 0,0227.$$

Tehát a kezdeti értékek és a becsült paraméterek:

$$z(0) = 30 \quad r(0) = 4 \tag{3.5}$$

$$a_b = 0,397 \quad b_b = 0,0179 \quad c_b = 0,0227 \quad d_b = 0,786. \tag{3.6}$$

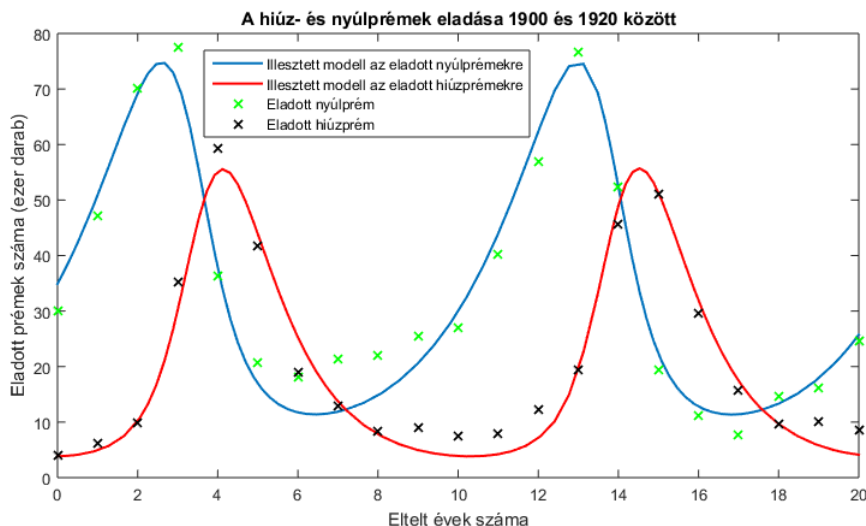
Ezután Matlab segítségével, az `fminsearch` beépített függvénnyel határoztuk meg az illesztett modell paramétereit és kezdeti értékeit. Itt felhasználtuk a korábban megbecsült paraméterek és az adatsor kezdeti értékei, amiket a (3.5) és a (3.6) tartalmaz. Ennek köszönhetően pontosabb lesz az illesztett modell. A program által kiszámolt értékek:

$$z_m(0) = 34,9134 \quad r_m(0) = 3,8566 \tag{3.7}$$

$$a = 0,4807 \quad b = 0,0248 \quad c = 0,0276 \quad d = 0,9272. \tag{3.8}$$

Az eredmény ábrázolásához szintén Matlabot használtam, azon belül az `ode45` beépített függvényt. Megadom a (3.7) és a (3.8) értékeket és az illesztett modell alakját. Fontos megjegyezni, hogy ebben az esetben nem egy folytonos megoldást kapunk, hanem egy meghatározott intervallumon belül több pontra számolja ki az értékeket a beépített függvény, amit a Matlab rajzoló programja interpolációt alkalmazva jelenít meg.

A 3.7. ábrán láthatóak az adatpontok és a rájuk illesztett modellek.



3.7. ábra.

A (2.3) differenciálegyenlet-rendszerbe behelyettesítve a paramétereket, az alábbi egyenletrendszert kapjuk:

$$\begin{cases} z'(t) = 0,4807 \cdot z(t) - 0,0248 \cdot z(t) \cdot r(t) \\ r'(t) = 0,0276 \cdot r(t) \cdot z(t) - 0,9272 \cdot r(t) \end{cases} \quad (3.9)$$

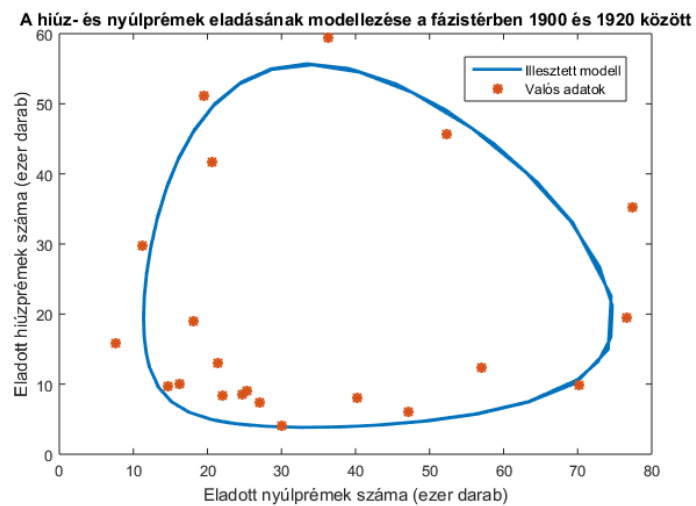
ahol $z(t), r(t)$ a nyúl- és húzpopuláció mérete a t idő függvényében. Ahogy a korábbi fejezetben is szerepelt, a $z(t)$ és $r(t)$ függvényeket nem lehet analitikusan meghatározni, ezért a (3.9) egyenletrendszer numerikus megoldását tekintjük megoldásnak.

A fázistérre illesztett modell megoldása:

$$0,4807 \cdot \ln z(t) - 0,0248 \cdot z(t) - 0,0276 \cdot r(t) + 0,9272 \cdot \ln(r(t)) = 1,9871, \quad (3.10)$$

ahol $z(t), r(t)$ a nyúl- és húzpopuláció mérete a t idő függvényében.

A fázistérben való ábrázolása az adatoknak és az illesztett modellnek a 3.8. ábrán látható.



3.8. ábra.

Ahogy az a (3.9) egyenletrendszer esetében sem állapítható meg analitikusan a $z(t)$ és $r(t)$ függvények alakjának, a (2.5) egyenletet sem tudjuk megoldani, ezért a (3.10) egyenlete numerikus megoldását tekintjük megoldásnak.

Összefoglalás

A szakdolgozat témája a valós populációs adatokra való modellillesztés. Definiálásra kerültek a felhasznált fogalmak és az illesztett modellek. Ezek után ráillesztettem az ismertetett modelleket a megfelelő adatsorokra. Láttuk, hogy a korlátlan és korlátos modellek esetében jól illeszkedtek az adatsorokra a függvények. A korlátlan növekedés modell esetén elmondható, hogy jól illeszkedtek a modellek az adatsorokra. A korlátos növekedés modelljénél láthattuk, hogy az illesztésből kapott K paraméter értéke jó egyezést mutat a mérési adatokkal, jól köteteltette a kapott modell az adatsort. A legnagyobb szórást a Lotka–Volterra illesztésénél tapasztalhattuk, de ez azzal magyarázható, hogy a periódusról periódusra változott a populációk száma.

A szakdolgozat megmutatja, hogy a 2. fejezetben szereplő populációs modellek jól alkalmazhatóak valós adatokra és hogy mennyi releváns információ szűrhető ki belőlük egy-egy faj populációjára vonatkozóan. A kiszámolt paraméterek alapján eldönthető, hogy szükséges-e közbeavatkozás ahhoz, hogy a faj továbbra is fennmaradjon és elkerülje a túlnépesedés okozta ökológiai problémákat.

Irodalomjegyzék

- [1] Laczkovich Miklós, T-Sós Vera : Valós analízis I. Typotex kiadó 2012
- [2] Csomós Petra : Folytonos modellezés gyakorlat jegyzet 2019
- [3] Mezei István, Faragó István, Simon Péter: Bevezetés az analízisbe. Elektronikus jegyzet 2009
https://vik.wiki/images/9/96/Anal1_2009_mezei-farag%C3%B3-simon_bev_anal.pdf
- [4] Simon Péter: Közönséges differenciálegyenletek jegyzet, 2007.
<https://simonp.web.elte.hu/files/kozdiff.pdf>
- [5] Simon L. Péter – Tóth János: Differenciálegyenletek Bevezetés az elméletbe és az alkalmazásokba. Typotex kiadó 2008
- [6] Faj, Populáció: <https://hu.wikipedia.org/>
- [7] Vírus, Pandémia, Koronavírus, COVID-19:
<https://hu.wikipedia.org>
- [8] <https://hu.wikipedia.org/wiki/Egyk%C3%A9z%C3%A9s>
- [9] <https://population.un.org/wpp/Download/Standard/Population/>
- [10] https://en.wikipedia.org/wiki/Pierre_Fran%C3%A7ois_Verhulst
- [11] https://en.wikipedia.org/wiki/Lotka-Volterra_equations

[12] [https://data.humdata.org/dataset/
novel-coronavirus-2019-ncov-cases](https://data.humdata.org/dataset/novel-coronavirus-2019-ncov-cases)

[13] [https://www.gov.mb.ca/chc/archives/hbca/common_research_
topics.html](https://www.gov.mb.ca/chc/archives/hbca/common_research_topics.html)

Függelék

Korlátlan növekedés

Kína népessége az egykepolitika bevezetése előtt (1950-1968)

év	népesség (ezer fő)
1950	554419
1951	569611
1952	582029
1953	592568
1954	601971
1955	610834
1956	619598
1957	628551
1958	637854
1959	647556
1960	657686
1961	668335
1962	679732
1963	692280
1964	706461
1965	722562
1966	740746
1967	760771
1968	782009

Koronavírussal fertőzöttek száma Olaszországban (2020.01.31.-2020.03.14.)

dátum	fertőzöttek száma	dátum	fertőzöttek száma
jan 31.	2	febr 22.	79
febr 1.	2	febr 23.	150
febr 2.	2	febr 24.	227
febr 3.	2	febr 25.	320
febr 4.	2	febr 26.	445
febr 5.	2	febr 27.	650
febr 6.	3	febr 28.	888
febr 7.	3	febr 29.	1128
febr 8.	3	márc 1.	1694
febr 9.	3	márc 2.	2036
febr 10.	3	márc 3.	2502
febr 11.	3	márc 4.	3089
febr 12.	3	márc 5.	3858
febr 13.	3	márc 6.	4636
febr 14.	3	márc 7.	5883
febr 15.	3	márc 8.	7375
febr 16.	3	márc 9.	9172
febr 17.	3	márc 10.	10149
febr 18.	3	márc 11.	12462
febr 19.	3	márc 12.	15113
febr 20.	3	márc 13.	17660
febr 21.	20	márc 14.	21157

Koronavírusos fertőzöttek száma Magyarországon (2020.03.04.-2020.04.10.)

dátum	fertőzöttek száma	dátum	fertőzöttek száma
márc 4.	2	márc 23.	167
márc 5.	4	márc 24.	187
márc 6.	4	márc 25.	226
márc 7.	5	márc 26.	261
márc 8.	7	márc 27.	300
márc 9.	9	márc 28.	343
márc 10.	12	márc 29.	408
márc 11.	13	márc 30.	447
márc 12.	16	márc 31.	492
márc 13.	19	ápr 1.	525
márc 14.	30	ápr 2.	585
márc 15.	32	ápr 3.	623
márc 16.	39	ápr 4.	678
márc 17.	50	ápr 5.	733
márc 18.	58	ápr 6.	744
márc 19.	73	ápr 7.	817
márc 20.	85	ápr 8.	895
márc 21.	103	ápr 9.	980
márc 22.	131	ápr 10.	1190

Korlátos növekedés

Koronavírussal fertőzöttek száma Németországban (2020.02.24.-2020.04.21.)

dátum	fertőzöttek száma
febr 24.	16
febr 29.	66
márc 5.	349
márc 10.	1460
márc 15.	4838
márc 20.	13957
márc 25.	31554
márc 30.	57298
ápr 4.	85778
ápr 9.	108202
ápr 14.	125098
ápr 19.	139897

Koronavírus fertőzöttek száma Dél-Koreában (2020.02.18.-2020.03.14.)

dátum	fertőzöttek száma	dátum	fertőzöttek száma
febr 18.	31	márc 2.	4812
febr 19.	51	márc 3.	5328
febr 20.	104	márc 4.	5766
febr 21.	204	márc 5.	6284
febr 22.	433	márc 6.	6767
febr 23.	602	márc 7.	7134
febr 24.	833	márc 8.	7382
febr 25.	977	márc 9.	7513
febr 26.	1261	márc 10.	7755
febr 27.	1766	márc 11.	7869
febr 28.	2337	márc 12.	7979
febr 29.	3150	márc 13.	8086
márc 1.	4212	márc 14.	8162

Koronavírus fertőzöttek száma Kínában (2020.02.10.-2020.03.14.)

dátum	fertőzöttek száma	dátum	fertőzöttek száma
febr 10.	48315	febr 27.	78824
febr 11.	55220	febr 28.	79251
febr 12.	58761	febr 29.	79824
febr 13.	63851	márc 1.	80026
febr 14.	66492	márc 2.	80151
febr 15.	68500	márc 3.	80270
febr 16.	70548	márc 4.	80409
febr 17.	72436	márc 5.	80552
febr 18.	74185	márc 6.	80651
febr 19.	75002	márc 7.	80695
febr 20.	75891	márc 8.	80735
febr 21.	76288	márc 9.	80754
febr 22.	76936	márc 10.	80778
febr 23.	77150	márc 11.	80793
febr 24.	77685	márc 12.	80813
febr 25.	78064	márc 13.	80824
febr 26.	78497	márc 14.	80844

Lotka–Volterra modell

A hótalpas nyúl és a kanadai hiúz szőrmeeladása 1900 és 1920 között

év	nyulak száma (ezer példány)	hiúz (ezer példány)	év	nyulak száma (ezer példány)	hiúz (ezer példány)
1900	30	4	1911	40,3	8
1901	47,2	6,1	1912	57	12,3
1902	70,2	9,8	1913	76,6	19,5
1903	77,4	35,2	1914	52,3	45,7
1904	36,3	59,4	1915	19,5	51,1
1905	20,6	41,7	1916	11,2	29,7
1906	18,1	19	1917	7,6	15,8
1907	21,4	13	1918	14,6	9,7
1908	22	8,3	1919	16,2	10,1
1909	25,4	9,1	1920	24,7	8,6
1910	27,1	7,4			