

6. Autómatas celulares y simulación de procesos en el espacio (2): condicionantes espaciales.

Modelización de Sistemas Ambientales (07M1)
Dpto. de Ecología e Hidrología y Dpto. Geografía
Facultad de Biología
Universidad de Murcia

Índice

Curso 2006–07

1. Introducción	1
2. Dispersión (1 hora)	1
3. Reproducción y muerte (0.5 horas)	3
4. Muerte: efecto de un gradiente (0.5 horas)	4
5. Dinámica de una población densodependiente (0.5 horas)	5
6. Para entregar	6

1. Introducción

En esta práctica utilizaremos los autómatas celulares para reproducir el comportamiento de organismos que siguen reglas muy sencillas: dispersión, reproducción y muerte. Con ellos estudiaremos el comportamiento de distintas variables que permiten describir los procesos simulados.

2. Dispersión (1 hora)

Estudiaremos la dispersión de organismos considerando que estos se desplazan en dos dimensiones y con un comportamiento brauniano. En la práctica anterior se estudió el fenómeno de un único desplazamiento, aquí veremos el efecto de considerar en cada unidad de tiempo un nuevo desplazamiento.

EJERCICIOS

1. Considerado la función `mb()` definida en la sesión anterior construiremos una nueva función, a la que llamaremos `dispersión`:

```
dispersion<-function(p) {  
  (p+t(apply(p,1,mb)))  
}
```

Tomaremos una población, descrita por sus coordenadas (`pob`), con un tamaño `ni` y para `t` instantes consecutivos:

```
t <-1000  
ni<-5  
pob<-matrix(rep(50,ni*2),ni,2)  
plot(pob,xlim=c(0,100),ylim=c(0,100))  
for(i in 1:t){  
  pob<-dispersion(pob)
```

```

plot (pob,
      xlim=c (0, 100), ylim=c (0, 100), main=i,
      cex=0.3, pch=16)
}

```

¿Se produce un efecto de dispersión? ¿Cómo podría modificarse la función `mb()` para conseguir alterar la velocidad de esta dispersión?

¿Qué efecto tendría variar la media (0) y desviación típica (1) de la distribución normal considerada en la función `mb()`?

- Podemos simular una población mayor para estudiar mejor el comportamiento de los autómatas en los ejes. Repetiremos el procedimiento anterior con un valor de `ni` de 1000.

La distribución en el eje de abscisas es:

```
hist (pob[, 1], freq=F)
```

la curva normal asociada a esta distribución es:

```

seq (min (pob[, 1]), max (pob[, 1]), sd (pob[, 1]) / 10) -> i
lines (i, dnorm (i, mean (pob[, 1]), sd (pob[, 1])))

```

¿Puede considerarse normal a la variable *posición del autómata en el eje de abscisas*? ¿Y en para el caso de las ordenadas? Si el tiempo transcurrido desde el principio fuese pequeño ¿estaríamos en la misma situación?

- Utilizando la siguiente expresión:

```
distancia<-sqrt ((pob[, 1]-50)^2+(pob[, 2]-50)^2)
```

obtenemos los valores de la variable *distancia de los autómatas a la posición original*? Una descripción estadística de esta puede obtenerse fácilmente:

```

summary (distancia)
sd (distancia)
quantile (distancia, seq (0, 1, 0.1)) #percentiles
hist (distancia)

```

¿Se trata de una variable con comportamiento normal? ¿Podemos considerar que el 90% de los individuos están a más de 35 metros de su situación original? ¿Cuál ha sido la distancia media recorrida? ¿Cuál es su velocidad? ¿Hay gran diferencia cuando se considera la distancia mediana? ¿Y distancia a los percentiles?

- Mediante el siguiente protocolo crearemos una nueva variable `distancia` que contendrá el valor de la variable:

```

t <-1000
ni<-1000
distancia<-NULL
pob<-matrix (rep (50, ni*2), ni, 2)
for (i in 1:t) {
  pob<-dispersion (pob)
  distancia[i]<-mean (sqrt ((pob[, 1]-50)^2+(pob[, 2]-50)^2))
}

```

Se excluye la representación de la dispersión ya que retarda el cálculo de forma innecesaria.

La evolución temporal de la media de la variable puede representarse mediante:

```

i<-1:t
plot (i, distancia)

```

Se trata de una respuesta que transformada elevándola al cuadrado proporciona un resultado más “cómodo”:

```
i<-1:t
plot(i,distancia^2)
```

De estos resultados: ¿podría predecirse el comportamiento de la variable, en promedio, sin necesidad de simulación? ¿Cómo encontrar una función tal que $d = f(t)$? siendo d la distancia media y t el tiempo transcurrido?

5. Si recurrimos a una regresión lineal donde la variable dependiente sea la distancia media y la variable independiente sea el tiempo, tenemos:

```
dependiente<-distancia^2
independiente<-1:1000
lm(dependiente~independiente)->modelo
summary(modelo)
plot(independiente,dependiente,col="grey")
abline(modelo,col="red") #representa la recta de regresión
```

Con independencia de la calidad de la regresión desde un punto de vista estadístico, la tabla muestra los coeficientes para la variable independiente (llámemos a a este valor) y para la intercepción (ordenada en el origen, b). Tenemos entonces:

$$dependiente = a \times independiente + b$$

que expresado en las variables originales:

$$distancia.media = \sqrt{a \times t + b}$$

¿Cuál es el modelo obtenido? ¿Cómo refleja la componente brauniana?

6. Podemos confrontar los valores experimentales con los valores predicho por el modelos:

```
t<-1:1000
plot(t,distancia,col="grey")
i<-seq(1,1000,25)
lines(i,sqrt(i*modelo$co[2]+modelo$co[1]),col="red")
```

¿Se produce algún mensaje de error? ¿A qué se debe? ¿Qué significado tiene una ordenada en el origen negativa?

¿Cómo se trabajaría para calcular la velocidad mediana? ¿Cómo se podría estudiar el efecto de la desviación típica considerada en $mb()$ en el modelo?

3. Reproducción y muerte (0.5 horas)

Cada autómatas puede representar a una partícula con propiedades de nacimiento, reproducción y muerte: un individuo. Imaginemos un colección de partículas que tras un instante se duplica y todos los individuos son sometidos a un riesgo de muerte: una población.

Planteando una situación muy simplificada consideraremos que en cada Δt , para nosotros la unidad, cada autómatas tiene dos descendientes. Posteriormente, cada uno de ellos juega su supervivencia al 50%.

Dada una matriz de individuos, iv , donde se anotan las coordenadas que reflejan la ubicación de un conjunto de individuos puede describirse un procedimiento de nacimientos mediante una función: en primer lugar se calcula una nueva ubicación de los descendientes considerando un desplazamiento brauniano de estos respecto al autómatas original (usaremos la función $mb()$); posteriormente se unen las matrices de datos, tantas como descendientes tiene cada autómatas.

```
nacimientos<-function(iv) {
  iv1<-iv+t (apply (iv, 1, mb))
  iv2<-iv+t (apply (iv, 1, mb))
  rbind(iv1, iv2)
}
```

EJERCICIOS

1. Crearemos una población inicial con 20 individuos, donde x e y siguen una $\mathcal{U}(0, 100)$, y generaremos una serie de ng generaciones aplicando sucesivamente a la matriz inicial la función nacimientos.

```
ng<-12
pob<-matrix(runif(40, 0, 100), 20, 2)
for(i in 1:ng){
  plot(pob, xlim=c(0, 100), ylim=c(0, 100), main=dim(pob))
  pob<-nacimientos(pob)
}
```

¿Cuál es el motivo de que se ralentice el cálculo que proporciona cada generación? ¿Qué dimensiones tiene la matriz en cada generación? ¿Cuántos individuos tiene al final la población?

2. Comprobar que la población sigue el modelo de crecimiento exponencial: $N_t = N_0 e^{rt}$; siendo N_0 la población inicial; N_t la población final tras t generaciones; r la tasa instantánea de crecimiento o logaritmo natural del número de descendientes por hembra.

```
N0<-20
r<-log(2)
t<-1:ng
20*exp(r*t)
```

¿Coinciden los valores obtenidos con los que proporciona la simulación?

3. Podemos utilizar la siguiente función para eliminar individuos de una población, simulando un proceso de muerte. Utilizaremos una mortalidad del 50% para los individuos nacidos en una generación:

```
muerres<-function(im) {
  m<-sample(c(T,F), nrow(im), replace=T)
  im[m, ]
}
```

Dado que la función de nacimiento duplica la población y la función de muerte elimina a uno de cada dos: ¿Cabe esperar un tamaño poblacional constante? ¿Cabe esperar un área de distribución más o menos constante? ¿Cuál es el tamaño poblacional final de las distintas simulaciones? ¿Cuanto puede variar de una simulación a otra? Para comprobarlo puede utilizarse el siguiente procedimiento:

```
ng<-12
pob<-matrix(runif(40, 0, 100), 20, 2)
for (i in 1:ng){
  pob<-muerres(nacimientos(pob));
  plot(pob, xlim=c(0, 100), ylim=c(0, 100), asp=1, cex=0.5)
}
```

4. Muerte: efecto de un gradiente (0.5 horas)

EJERCICIOS

1. La mortalidad, como también la natalidad, pueden relacionarse con la ubicación espacial de los organismos y las propiedades del territorio. Un caso sencillo son los gradientes. Con la mortalidad asociada linealmente a la variación de la posición según el eje de abscisas podemos construir la siguiente función:

```

muertes.g<-function(im) {
  m<-0.25+im[,1]/100*0.5 #la mortalidad es función de la coordenada x
  im<-im[runif(nrow(im))>m,] #cada individuo se juega la supervivencia
}

```

Como en el caso anterior los individuos tienen como máximo una probabilidad de 0.5 de morir. Sin embargo, ahora, esta se reparte en dos sumandos, uno que aporta una mortalidad fija de 0.25 para todos los individuos y otro que en promedio a lo largo del gradiente aporta 0.25 (0 al inicio del gradiente y 0.5 al final de este).

Dado que la función de muerte elimina a uno de cada dos individuos como en el caso anterior:

¿Cabe esperar un tamaño poblacional constante? ¿Qué características tendrá la distribución en el espacio? ¿Cuál es el tamaño poblacional final de las distintas simulaciones? ¿Cuánto puede variar de una simulación a otra? Puede utilizarse el siguiente procedimiento:

```

ng<-10
ni<-200
pob<-matrix(runif(ni*2,0,100),ni,2)
for (i in 1:ng) {
  pob<-muertes.g(nacimientos(pob));
  plot(pob,xlim=c(0,100),ylim=c(0,100),asp=1,cex=0.5)
}

```

5. Dinámica de una población densodependiente (0.5 horas)

EJERCICIOS

1. Para que exista una dinámica poblacional densodependiente la mortalidad debe estar condicionada por espacio como expresión de la limitación de un recurso escaso. De forma sencilla podemos definir la mortalidad como una función del número de vecinos en un entorno próximo. Por ejemplo, el siguiente protocolo muestra un gráfico con la distribución de individuos en el espacio y un área descrita por un cuadrado de 5x5 unidades a su alrededor. Además proporciona la tabla de cuadrados con 1, 2, 3, ... individuos incluidos en cada uno de esos cuadrados.

```

ni<-20
p<-matrix(runif(ni*2,0,100),ni,2)
plot(p)
rect(p[,1]-2.5,p[,2]-2.5,p[,1]+2.5,p[,2]+2.5)
freq<-NULL
for (i in 1:20) freq[i] <- sum(
  (p[i,1]>p[,1]-2.5) & (p[i,1]<p[,1]+2.5)
  &
  (p[i,2]>p[,2]-2.5) & (p[i,2]<p[,2]+2.5)
)
table(freq)

```

Utilizaremos parte del protocolo para definir la mortalidad de cada individuo en la siguiente función.

```

muertes.d <- function(p) {
  k<-10 #individuos=capacidad de carga de un cuadrado de 5x5
  freq<-NULL
  for (i in 1:nrow(p)) freq[i]<-sum((p[i,1]>p[,1]-2.5) & (p[i,1]<p[,1]+2.5)
  &
  (p[i,2]>p[,2]-2.5) & (p[i,2]<p[,2]+2.5))

  p<-p[runif(nrow(p))>freq/k,] #cada individuo se juega la supervivencia
}

```

Con el siguiente protocolo puede estudiarse el efecto de esta función:

```
ng<-10
ni<-200
pob<-matrix(runif(ni*2,0,100),ni,2)
for (i in 1:ng){
  pob<-muertes.d(nacimientos(pob));
  plot(pob,xlim=c(0,100),ylim=c(0,100),asp=1,cex=0.5)
}
```

¿Cabe esperar un tamaño poblacional constante? ¿Qué características tendrá la distribución en el espacio?
¿Cuál es el tamaño poblacional final de las distintas simulaciones? ¿Qué ocurre cuando iniciamos la simulación con un tamaño de población pequeño? ¿Y cuando este es grande? Si hay diferencias: ¿Puede darse alguna justificación?

6. Para entregar

La función `mb()` considera una distribución normal de desviación típica de magnitud uno.

1. Discutir brevemente el efecto que tiene en la velocidad de la dispersión un valor distinto de uno.
2. Discutir el efecto que tendría este mismo cambio en la simulación del crecimiento densodependiente de una población.