

# Einführung in die Mathematische Modellierung

Skript zur Vorlesung Mathematische Modellbildung  
für das Lehramt an Gymnasien  
an der Carl von Ossietzky Universität Oldenburg  
im Wintersemester 2005/2006

**Cora Kohlmeier**

7. Februar 2006



# Inhaltsverzeichnis

|          |   |           |
|----------|---|-----------|
| <b>1</b> | <b>Einführung</b>   | <b>1</b>  |
| 1.1      | Was ist Modellbildung – mathematische Modellierung . . . . .      | 1         |
| 1.2      | Was ist ein Modell ? . . . . .                                    | 1         |
| 1.2.1    | Merkmale von Modellen . . . . .                                   | 2         |
| 1.2.2    | Arten von Modellen . . . . .                                      | 2         |
| 1.2.3    | Modell-Simulation . . . . .                                       | 2         |
| <b>2</b> | <b>Empirische Modelle</b>   | <b>3</b>  |
| 2.1      | Parameteranpassung . . . . .                                      | 3         |
| 2.2      | Lineare Regression . . . . .                                      | 5         |
| 2.2.1    | Methode der kleinsten Quadrate . . . . .                          | 7         |
| 2.3      | Logarithmischer Zusammenhang am Beispiel der Karzinogenese . .    | 9         |
| 2.4      | Verallgemeinerung der linearen Regression ersten Grades . . . . . | 11        |
| 2.4.1    | Fourieranalyse . . . . .  | 12        |
| <b>3</b> | <b>Prozessorientierte Modelle</b>                                 | <b>15</b> |
| 3.1      | Freier Fall . . . . .   | 15        |
| 3.2      | Die Wurfparabel . . . . .   | 17        |
| 3.2.1    | Skalierung . . . . .  | 19        |
| 3.2.2    | Die Einhüllende . . . . .   | 20        |
| 3.3      | Bakterienwachstum . . . . .                                       | 22        |
| <b>4</b> | <b>Modellierung mit Differentialgleichungen</b>                   | <b>29</b> |
| 4.1      | Die Wachstumsrate . . . . .                                       | 29        |
| 4.2      | Aufstellen einer DGL am Beispiel auslaufender Gefäße . . . . .    | 30        |
| 4.2.1    | Der auslaufende Zylinder . . . . .                                | 30        |
| 4.2.2    | Der auslaufende Trichter . . . . .                                | 31        |
| <b>5</b> | <b>System mit einer Variablen</b>                                 | <b>35</b> |
| 5.1      | Das logistische Wachstum . . . . .                                | 35        |
| 5.2      | Stationäre Zustände . . . . .                                     | 36        |
| 5.2.1    | Stabilität stationärer Zustände . . . . .                         | 36        |
| 5.3      | Skalierung der logistischen Differentialgleichung . . . . .       | 38        |
| 5.4      | Wachstums und Sterbeprozesse . . . . .                            | 39        |

|          |   |           |
|----------|---|-----------|
| <b>6</b> | <b>Systeme mit 2 Variablen</b>                                    | <b>41</b> |
| 6.1      | Räuber-Beute-Modelle . . . . .                                    | 41        |
| 6.1.1    | Stationäre Zustände . . . . .                                     | 42        |
| 6.1.2    | Richtungsfeld . . . . .   | 43        |
| 6.1.3    | Stabilität . . . . .  | 44        |
| 6.1.4    | Modellverbesserungen . . . . .                                    | 45        |
| 6.1.5    | Das skalierte allgemeine Räuber-Beute-Modell . . . . .            | 48        |
| 6.2      | Verhalten 2-dimensionaler autonomer Systeme . . . . .             | 49        |
| 6.2.1    | Stationäre Zustände . . . . .                                     | 49        |
| 6.2.2    | Geschlossene Bahnen . . . . .                                     | 50        |
| 6.2.3    | Satz von Poincare . . . . .                                       | 50        |
| 6.2.4    | Teilgleichgewichte . . . . .                                      | 50        |
| 6.2.5    | Stabilität stationärer Zustände . . . . .                         | 51        |
| 6.2.6    | Stabilität im Beispielsystem . . . . .                            | 53        |
| 6.3      | Der Modell-Trinker (von W. Ebenhöf) . . . . .                     | 56        |
| <b>7</b> | <b>Fraktale</b>   | <b>59</b> |
| 7.1      | Fraktale und fraktale Dimension . . . . .                         | 59        |
| 7.2      | Das Chaos-Spiel . . . . .   | 62        |
| 7.2.1    | Cantor Menge . . . . .  | 62        |
| 7.2.2    | Sierpinski Dreieck . . . . .                                      | 63        |
| 7.2.3    | Der Farn . . . . .  | 63        |
| 7.3      | Mehrfach-Verkleinerungs-Kopierer, MRCM . . . . .                  | 64        |
| 7.4      | Die Mandelbrot-Menge . . . . .                                    | 65        |
| 7.5      | Anwendungen . . . . .   | 66        |
| 7.6      | Programme . . . . .   | 68        |
| 7.6.1    | Cantor-Floh . . . . .   | 68        |
| 7.6.2    | Sierpinski-Dreieck . . . . .                                      | 69        |
| 7.6.3    | Farn . . . . .  | 70        |
| 7.6.4    | Mandelbrot-Menge . . . . .  | 71        |
| <b>8</b> | <b>Mathematische Epidemiemodelle</b>                              | <b>73</b> |
| 8.1      | Das klassische Epidemiemodell nach Kermack & McKendrick . . . . . | 74        |
| 8.1.1    | Stabilitätsanalyse des SIR-Modells . . . . .                      | 77        |
| 8.1.2    | Das SIS-Modell . . . . .  | 78        |
| 8.1.3    | Epidemiologische Schlussfolgerung . . . . .                       | 81        |
| 8.2      | Masern . . . . .  | 82        |

|          |   |            |
|----------|---|------------|
| 8.2.1    | Simulationsergebnis . . . . .                           | 84         |
| 8.3      | Das AIDS-Modell AiMo . . . . .                          | 86         |
| 8.3.1    | Die Bevölkerungsstruktur . . . . .                      | 88         |
| 8.3.2    | Die Neuinfektionen . . . . .                            | 88         |
| 8.3.3    | Die Neuerkrankungen . . . . .                           | 88         |
| 8.3.4    | Reaktion der Bevölkerung . . . . .                      | 89         |
| 8.3.5    | Simulationsergebnisse . . . . .                         | 90         |
| <b>9</b> | <b>Zelluläre Automaten</b>                              | <b>93</b>  |
| 9.0.6    | Conway's Life . . . . .                                 | 93         |
| 9.0.7    | Charakteristika von zellulären Automaten . . . . .      | 94         |
| 9.0.8    | Zirkulärer Raum . . . . .                               | 95         |
| 9.0.9    | Erweiterungen . . . . .                                 | 95         |
| <b>A</b> | <b>Differentialgleichungen</b>                          | <b>99</b>  |
| A.1      | Numerisches Lösen von Differentialgleichungen . . . . . | 103        |
| A.1.1    | Verbesserungen . . . . .                                | 105        |
| <b>B</b> | <b>Zweidimensionale lineare Abbildungen</b>             | <b>107</b> |
| <b>C</b> | <b>Stabilitätsanalyse autonomer Systeme (2D)</b>        | <b>111</b> |
| C.1      | System . . . . .  | 111        |
| C.2      | Stationäre Zustände . . . . .                           | 111        |
| C.3      | Geschlossene Bahnen . . . . .                           | 111        |
| C.4      | Satz von Poincare . . . . .                             | 111        |
| C.5      | Teilgleichgewichte . . . . .                            | 112        |
| C.5.1    | Stabilität stationärer Zustände . . . . .               | 112        |
| C.6      | Veranschaulichung des Systemverhaltens . . . . .        | 114        |



# 1 Einführung

## 1.1 Was ist Modellbildung – mathematische Modellierung

Die mathematische Modellbildung oder mathematische Modellierung

- bezeichnet eine Methode
- ist nicht an eine spezielle Wissenschaft gebunden und wird in Naturwissenschaften und Technik und in der Ökonomie angewendet
- versucht Teile der Realität mathematisch begreifbar zu machen

(Natur)-Wissenschaft ist Modellierung: In der Wissenschaft werden Modelle aufgestellt, um eine vorgebenen Fragestellung zu beantworten.

Jedes Modelliervorhaben braucht eine Leitfrage oder ein Ziel!

Dies ist wichtig, da die Art und die Komplexität eines Modells von dieser Zielvorgabe abhängt. Ein Modell soll einen Teilaspekt der Realität so darstellen, dass es die Information liefern kann, die zur Beantwortung einer Leitfrage notwendig ist.

Beispiel:

Ein Klimamodell taugt nicht zur Wettervorhersage, ein Regentropfenmodell auch nicht.

## 1.2 Was ist ein Modell ?

Hierfür gibt es keine eindeutige Definition. Man könnte es wie folgt beschreiben:

Ein Modell ist ein Objekt oder Konzept, das benutzt wird, um einen realen Aspekt so darzustellen, dass er in Hinblick auf eine Zielfrage verstanden werden kann.

Beispiele für Modelle sind:

- ein Landschaftsbild
- Landkarten
- Wettermodelle

### 1.2.1 Merkmale von Modellen

- Vereinfachung. Es werden nur die wesentlichen Aspekte durch das Modell beschrieben. Will man z.B. das Volumen eines Würfels berechnen, so ist dessen Farbe unwichtig.
- Skalierung in Raum und Zeit. Ein Atommodell stellt das Atom in einer Größe dar, die wir sehen können, ein Globus ist so klein, dass er bequem auf dem Schreibtisch stehen kann. Modelle zur Wettervorhersage müssen schneller sein als das Wetter selbst.
- Modelle haben einen begrenzten Gültigkeitsbereich, z.B. gelten die Newton'schen Gesetze nicht nahe der Lichtgeschwindigkeit

### 1.2.2 Arten von Modellen

- einfache Modelle, die Prinzipien erklären, z.B. Beschreibung des radioaktiven Zerfalls durch die Exponentialfunktion
- komplexe Modelle, wie z.B. Klimamodelle, die die Atmosphäre und die Ozeanströmungen berücksichtigen
- empirische Modelle, die einen funktionalen Zusammenhang zu Messdaten liefern
- prozessorientierte Modelle
- deterministische Modelle
- stochastische Modelle

Diese Einteilung ist nicht eindeutig! Z.B. Können einfache Modelle sowohl deterministisch als auch stochastisch gebildet werden.

### 1.2.3 Modell-Simulation

Ergebnisse von Modellen erhält man durch eine Simulation. Die Simulation liefert eine Realisierung des Modells. Das Modell gibt die Einsicht in die Zusammenhänge, die Simulation liefert ein Ergebnis, das z.B. mit Messdaten verglichen werden kann. Wird dieser Vergleich für ausreichend gut befunden, so kann das Modell den beschriebenen Sachverhalt reproduzieren. Zeigt der Vergleich von Simulationsergebnis mit den Daten Abweichungen, so muss das Modell verbessert werden.

## 2 Empirische Modelle

Bei der empirischen Modellierung wird ausgehend von einem oder mehreren Datensätzen versucht, einen funktionalen Zusammenhang zu bestimmen, der diese Daten ausreichend gut reproduziert.

### 2.1 Parameteranpassung

Bei der Parameteranpassung wird eine Funktion vorgegeben und die Parameter der Funktion anhand der Messdaten bestimmt. Es seien z.B. folgende Werte für die Wassertemperatur an der Nordseeküste gegeben (Abbildung 2.1):.

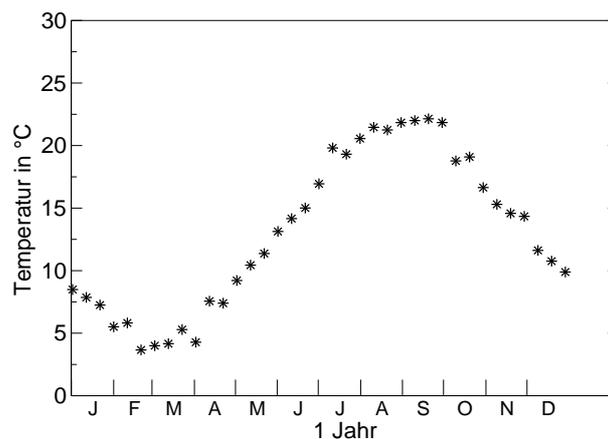


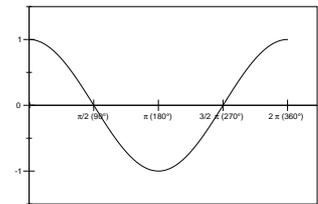
Abbildung 2.1: Jahresgang der Wassertemperatur an der Nordseeküste (Beispiel)

Diese Werte sollen nun durch eine Kosinusfunktion approximiert werden. Aus der Grafik erkennt man, dass der kälteste Zeitraum Mitte Februar bis Mitte März ist. Wir nehmen als kältesten Tag den Tag 60 an. Die kälteste gemessene Temperatur beträgt ca. 4 °C die wärmste ca. 22 °C. Die Temperaturdifferenz beträgt somit 18 °C, die mittlere Temperatur ca. 13 °C.

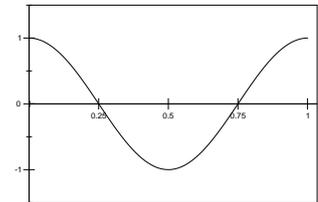
Die Kosinusfunktion soll nun so verändert werden, dass sie zu den Daten passt:

Die Kosinusfunktion:

$$T = \cos(t)$$

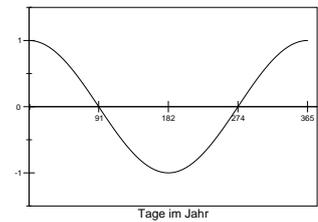
Skalierung auf  $[0, 1]$ 

$$T = \cos(2\pi t)$$



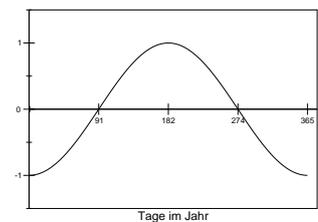
Skalierung auf 1 Jahr

$$T = \cos\left(\frac{2\pi t}{365}\right)$$



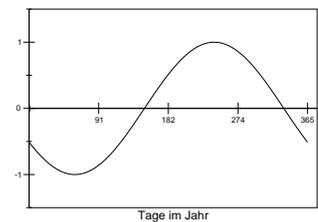
Im Winter soll es kalt sein

$$T = -\cos\left(\frac{2\pi t}{365}\right)$$

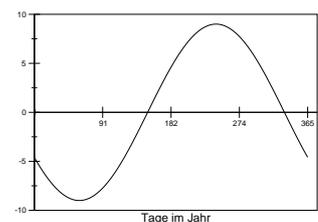


Der kälteste Tag ist Tag 60

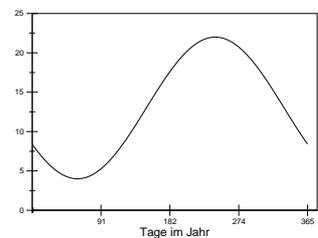
$$T = -\cos\left(\frac{2\pi(t-60)}{365}\right)$$

Die Amplitude beträgt  $9\text{ }^{\circ}\text{C}$ 

$$T = -9\cos\left(\frac{2\pi(t-60)}{365}\right)$$

Der Mittelwert beträgt  $13\text{ }^{\circ}\text{C}$ 

$$T = 13 - 9\cos\left(\frac{2\pi(t-60)}{365}\right)$$



Man erhält so eine Kurve, die recht gut zu den Daten passt (Abbildung 2.2).

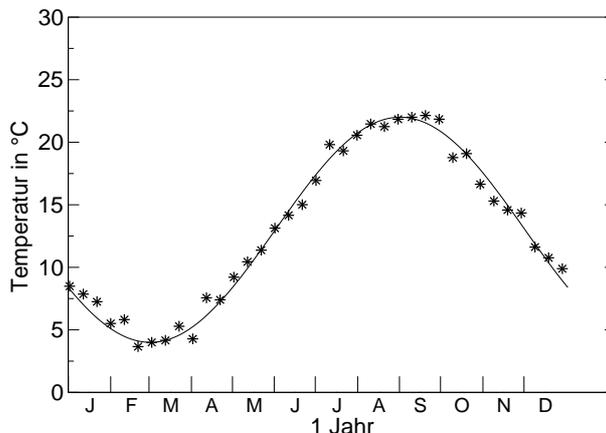


Abbildung 2.2: Jahresgang der Wassertemperatur an der Nordseeküste und daran angepasste Kosinusfunktion.

## 2.2 Lineare Regression

Im vorherigen Beispiel haben wir die Parameter der Kosinuskurve anhand von wenigen Charakteristika, wie die Lage der Extrema bestimmt. Im folgenden wird ein Verfahren beschrieben, dass die Anpassung einer Geraden an gegebene Messwerte unter Berücksichtigung aller Messwerte erreicht.

Für das Wachstum einer Bohne seien folgende Messwerte für die Zeit in Tagen seit der Pflanzung und die zu dieser Zeit gemessene Höhe der Bohne gegeben:

|               |     |   |    |    |    |    |    |     |     |     |     |     |
|---------------|-----|---|----|----|----|----|----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Zeit in Tagen | 3   | 5 | 10 | 15 | 20 | 30 | 40 | 50  | 60  | 70  | 80  | 100 |
| Höhe in cm    | 0,5 | 1 | 2  | 7  | 15 | 30 | 70 | 130 | 170 | 230 | 248 | 252 |

In Abbildung 2.4 erkennt man, dass im Bereich zwischen dem 20. Tag und dem 70. Tag wahrscheinlich ein linearer Zusammenhang zwischen der Wachstumszeit und der Wachstumshöhe besteht. Diesen Zusammenhang kann man durch eine Geradengleichung beschreiben:

$$y = m \cdot x + b$$

Wir wollen nun  $m$  und  $b$  bestimmen. Dabei interessiert uns insbesondere  $m$ , die Steigung der Geraden. Sie ist ein Maß für die Wachstumsgeschwindigkeit. Eine solche Gerade kann man z.B. erhalten, wenn man zwei beliebige Punkte in diesem Bereich miteinander verbindet. Handelt es sich tatsächlich um einen linearen

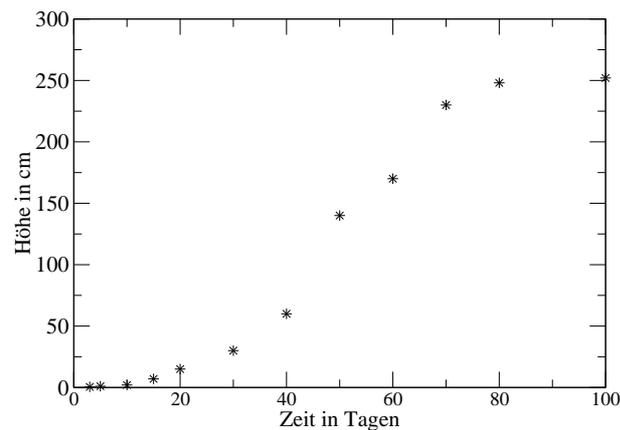


Abbildung 2.3: Wachstum einer Stangenbohne.

Zusammenhang und sind die Messungen nicht fehlerbehaftet, so kann man so die Steigung und damit die Wachstumsgeschwindigkeit erhalten. Liegen aber nicht alle Punkte auf dieser Geraden, so wird die Lage der Geraden von der Wahl der Punkte abhängen.

In der Realität wird aber weder das Wachstum exakt einem linearen Zusammenhang folgen (Bohnen wissen gar nicht, was das ist) noch wird man die Höhe derart exakt messen. In Abschnitt 2.2.1 wird daher ein Verfahren vorgestellt, eine Gerade zu bestimmen, die allen Punkten in diesem Bereich Rechnung trägt.

Aber nehmen wir mal beispielsweise die Gerade, die durch die Punkte bei  $t=20$  und  $t=70$  läuft, dann gilt:

$$\begin{aligned} 15 &= m \cdot 20 + b \\ 230 &= m \cdot 70 + b \end{aligned}$$

Auflösen ergibt  $m = 4.3$  und  $b = -71.0$ .

Man kann die Steigung  $m$  auch erhalten, indem man ein Steigungsdreieck betrachtet:

$$m = \frac{\Delta y}{\Delta x} = \frac{230 \text{ cm} - 15 \text{ cm}}{70 \text{ Tage} - 20 \text{ Tage}}$$

Im betrachteten Zeitintervall wächst die Bohne also  $4.3 \text{ cm/Tag}$ .

Die Methode, nur zwei Punkte zu berücksichtigen, ist natürlich falsch, da sich Messfehler und Abweichungen in diesen Punkten stark auf die Lage der Geraden auswirken. Besser ist es alle Punkte zu berücksichtigen, die im Bereich des linearen Wachstums liegen. Hierzu gibt es die Methode der kleinsten Quadrate auch lineare Regression genannt.

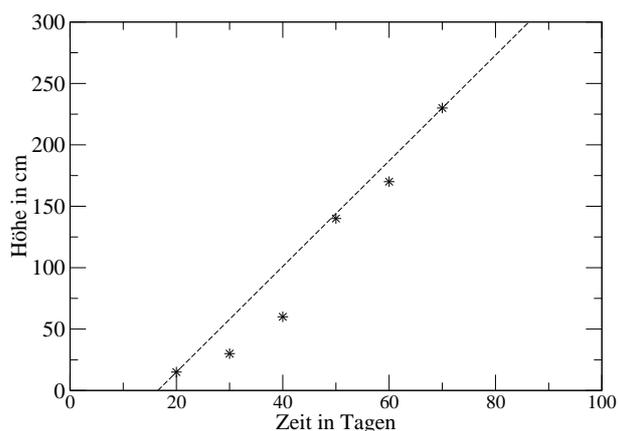


Abbildung 2.4: Wachstum einer Stangenbohne. Dargestellt sind die Messwerte und die Gerade, die durch die Punkte (20,15) und (70,230) geht.

### 2.2.1 Methode der kleinsten Quadrate

Seien  $t_1 < t_2 < \dots < t_n$  die  $n$  Zeitpunkte, an denen die  $n$  Messwerte  $y_1, y_2, \dots, y_n$  gemessen wurden. Der Datenbereich des Beispiels aus 2.2, in dem lineares Wachstum angenommen wird, ist durch

|            |    |    |    |     |     |     |
|------------|----|----|----|-----|-----|-----|
| Zeit $t_i$ | 20 | 30 | 40 | 50  | 60  | 70  |
| Höhe $y_i$ | 15 | 30 | 70 | 130 | 170 | 230 |

gegeben.

Es soll nun eine Gerade  $y(t) = m \cdot t + b$  so bestimmt werden, dass die Summe der Quadrate der Abweichungen von Messdaten und Geraden minimal wird.

$$Q(m, b) := \sum_{i=1}^n (y_i - y(t_i))^2 = \sum_{i=1}^n (y_i - (m \cdot t_i + b))^2$$

soll also minimal werden. Im Beispiel muss also

$$Q(m, b) := (15 - (m \cdot 20 + b))^2 + (30 - (m \cdot 30 + b))^2 + (70 - (m \cdot 40 + b))^2 + (130 - (m \cdot 50 + b))^2 + (170 - (m \cdot 60 + b))^2 + (230 - (m \cdot 70 + b))^2$$

minimal werden.

Um das Minimum zu bestimmen, werden die partiellen Ableitungen von  $Q$  nach  $m$  und  $b$  bestimmt und gleich null gesetzt:

$$\frac{\partial Q(m,b)}{\partial m} = 2 \sum_{i=1}^n (y_i - (m \cdot t_i + b)) \cdot (-t_i) =: 0$$

$$\frac{\partial Q(m,b)}{\partial b} = 2 \sum_{i=1}^n (y_i - (m \cdot t_i + b)) \cdot (-1) =: 0$$

Man erhält also zwei Gleichungen mit den zwei Unbekannten  $m$  und  $b$ . Formal muss man natürlich zeigen, dass es sich tatsächlich um ein Minimum handelt!

### Satz 2.2.1 Methode der kleinsten Quadrate (lineare Regression)

Es seien  $n$  Messwerte  $y_i, i = 1 \dots n$  zu den Zeitpunkten  $t_i, i = 1 \dots n$  gegeben. Die Summe der Abstandsquadrate der Messwerte von der Geraden  $y(t) = m \cdot t + b$  wird durch

$$m = \frac{n \cdot \sum_{i=1}^n t_i \cdot y_i - T \cdot Y}{n \cdot \sum_{i=1}^n t_i^2 - T \cdot T} \quad b = \frac{1}{n}(Y - mT)$$

minimiert, wobei

$$T := \sum_{i=1}^n t_i = t_1 + \dots + t_n \quad Y := \sum_{i=1}^n y_i = y_1 + \dots + y_n$$

gilt.

Mit Hilfe der Größen Mittelwert, Varianz und Kovarianz erhält man

$$m = \frac{\text{Cov}(t,y)}{V(t)} \quad b = \bar{y} - m\bar{t}$$

wobei

$$\bar{t} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n t_i \quad \bar{y} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i \quad V(t) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (t_i - \bar{t})^2 \quad \text{Cov}(t,y) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (t_i - \bar{t}) \cdot (y_i - \bar{y})$$

gilt.

Im Beispiel erhält man die Gerade

$$y = 4.44 \cdot t - 92.43$$

Das so bestimmte Wachstum beträgt also 4.44 cm/Tag. In Abbildung 2.5 sieht man, dass die Gerade zwar keinen der Messpunkte genau trifft, aber trotzdem besser ist als die Gerade in Abbildung 2.4. Dies liegt daran, dass Ausreißer weniger stark einfließen.

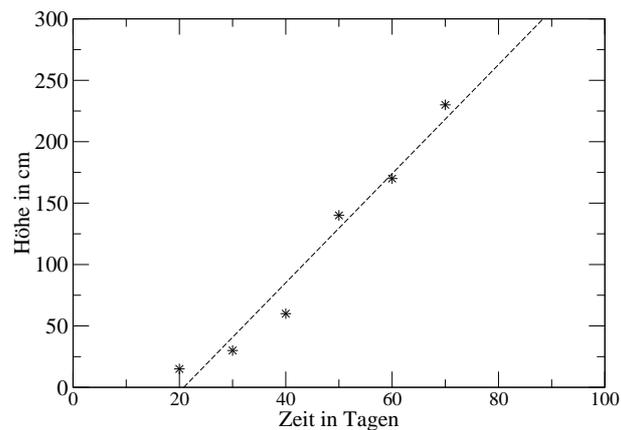


Abbildung 2.5: Wachstum einer Stangenbohne. Dargestellt sind die Messwerte, für die ein lineares Wachstum angenommen wird, und die Ausgleichsgerade, die sich nach der Methode der kleinsten Quadrate ergibt.

Das Verfahren der linearen Regression ist in vielen wissenschaftlichen Taschenrechnern und Tabellenkalkulationsprogrammen implementiert. Diese geben meistens zusätzlich zu den Parametern das sogenannte Bestimmtheitsmaß  $r^2$  an. Hierbei ist  $r$  durch

$$r = \frac{\text{Cov}(t, y)}{\sqrt{V(t) \cdot V(y)}}$$

gegeben. Das Bestimmtheitsmaß  $r^2$  gibt den Anteil der durch die unabhängige Größe  $t$  erklärten Varianz an der Gesamtvarianz von  $y$  an. Liegen die Werte exakt auf einer Geraden, so ist  $r^2 = 1$ .

### 2.3 Logarithmischer Zusammenhang am Beispiel der Karzinogenese

Häufig folgen natürliche Prozesse keinem linearen Zusammenhang. Am folgenden Beispiel soll gezeigt werden, wie die Methode der linearen Regression auf Prozesse

angewendet werden kann, die einem logarithmischen Zusammenhang folgen.

### Beispiel: Karzinogenese bei Ratten.

Durch Gabe von Diethylnitrosamin, kann bei Ratten Krebs ausgelöst werden. Je höher die tägliche Dosis ist, desto schneller entwickeln die Ratten einen Tumor. Die Zeit von der Diethylnitrosamingabe bis zur Ausbildung des Tumors heisst Latenzzeit. Es besteht folgender Zusammenhang

|                     |       |      |     |     |      |     |     |      |
|---------------------|-------|------|-----|-----|------|-----|-----|------|
| Dosis in mg/kg/Tag  | 0.075 | 0.15 | 0.3 | 0.6 | 1.25 | 2.5 | 5.0 | 10.0 |
| Latenzzeit in Tagen | 1020  | 645  | 480 | 360 | 265  | 225 | 150 | 120  |

Auf den ersten Blick kann man nicht entscheiden, welcher Zusammenhang besteht (Abbildung 2.6).

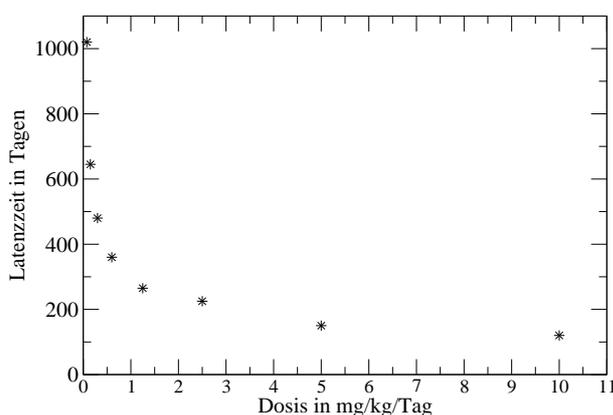


Abbildung 2.6: Karzinogenese bei Ratten. Aufgetragen sind die Dosis an Diethylnitrosamin und die zugehörige Zeit bis zur Ausbildung eines Tumors (Latenzzeit)

Trägt man die Datenpunkte doppelt logarithmisch auf so erkennt man den Zusammenhang (Abbildung 2.7). Doppelt logarithmisch bedeutet, dass sowohl die x- als auch die y-Achse logarithmisch sind. Hierbei ist es unerheblich, ob man die Achsenkalierungen logarithmisch wählt oder die Werte in der Tabelle logarithmiert und die Achsen linear skaliert (siehe Achsen in Abbildung 2.7). Es scheint ein linearer Zusammenhang zwischen dem Logarithmus der Dosis und dem Logarithmus der Latenzzeit zu bestehen:

$$\log(\text{Latenzzeit}) = m \cdot \log(\text{Dosis}) + b$$

Die Parameter  $m$  und  $b$  kann man nun mit der Methode der kleinsten Quadrate be-

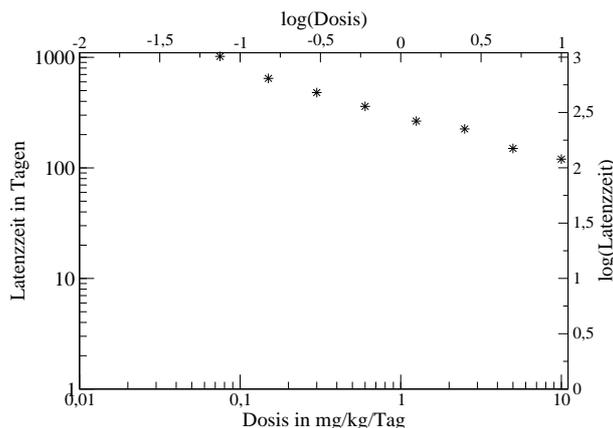


Abbildung 2.7: Karzinogenese bei Ratten. Aufgetragen sind die Dosis an Diethylnitrosamin und die zugehörige Zeit bis zur Ausbildung eines Tumors (Latenzzeit) in doppelt logarithmischer Darstellung

stimmen. Hierzu macht man sich zuerst die Wertetabelle der logarithmierten Werte. Man beachte, dass diese Werte keine Einheit haben!!!:

|                 |       |       |       |       |       |       |       |       |
|-----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| log(Dosis)      | -1.12 | -0.82 | -0.52 | -0.22 | 0.1   | 0.4   | 0.7   | 1     |
| log(Latenzzeit) | 3.009 | 2.810 | 2.681 | 2.556 | 2.423 | 2.352 | 2.176 | 2.079 |

Man erhält  $m = -0.42$  und  $b = 2.48$ .

Aus  $\log(Latenzzeit) = m \cdot \log(Dosis) + b$  folgt

$$Latenzzeit = 10^{m \cdot \log(Dosis) + b} = 10^b \cdot Dosis^m = e^{b \cdot \ln(10) + m \cdot \ln(Dosis)}$$

Dieser funktionale Zusammenhang ist in Abbildung 2.8 dargestellt. Man hat nun eine Funktion, mit der man zu einer gegebenen Dosis die Latenzzeit bestimmen kann. In der Praxis wird die tatsächliche Latenzzeit davon abweichen (Ratten sind keine Computer). Auch weiss man nicht, welchen Gültigkeitsbereich das Gesetz hat (bei sehr hohen Dosen werden die Ratten vermutlich viel schneller Tumore entwickeln, bei sehr niedrigen eventuell gar keine).

## 2.4 Verallgemeinerung der linearen Regression ersten Grades

Weiss man, dass der Zusammenhang zwischen abhängiger und unabhängiger Variablen einem anderen Gesetz folgt, so kann man auch hierauf optimieren. Viel Softwarepakete und Taschenrechner haben hierzu eine Reihe von Funktionen implementiert:

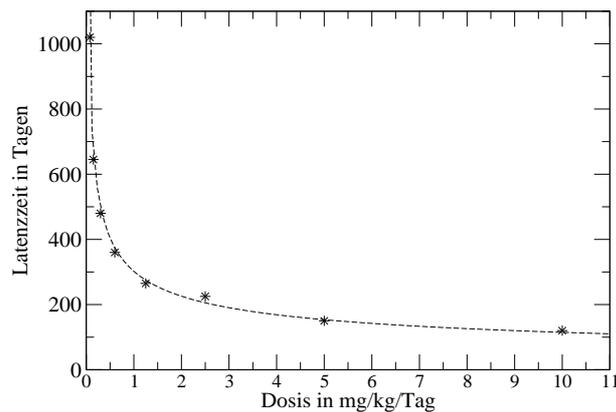


Abbildung 2.8: Karzinogenese bei Ratten. Aufgetragen sind die Dosis an Diethylnitrosamin und die zugehörige Zeit bis zur Ausbildung eines Tumors (Latenzzeit) sowie der funktionale Zusammenhang, der sich nach der Methode der kleinsten Quadrate ergibt.

$$\begin{array}{ll}
 f(x) = a_1x + a_0 & \text{linear} \\
 f(x) = a_2x^2 + a_1x + a_0 & \text{quadratisch} \\
 f(x) = a_3x^3 + a_2x^2 + a_1x + a_0 & \text{kubisch} \\
 \dots & \dots
 \end{array}$$

Bei der Optimierung mit Hilfe der angegebenen Funktionen handelt es sich auch um lineare Regressionen, da die Parameter  $a_i$  nicht in höherer Potenz vorkommen. Allgemein handelt es sich um eine lineare Überlagerung von einfachen Funktionen:

$$f(x) = \sum_{j=1}^J a_j \cdot h_j(x),$$

wobei hier  $h_j(x) = x^j$  gilt.

Die Lösung eines Optimierungsproblems läuft analog wie im Falle der Geraden. Man leitet die Funktion der Summe der Abstandquadrate nach den Parametern ab, setzt diese gleich null und erhält  $J$  Gleichungen mit  $J$  Unbekannten.

### 2.4.1 Fourieranalyse

Nun ist es nicht zwingend, dass die Funktionen  $h_j$  Potenzen von  $x$  sind. Hat man Messwerte, von denen man weiss, dass sie einer Periodizität unterliegen, wie z.B. der Temperaturverlauf eines Jahres, so kann man auch periodische Funktionen als Basis wählen. Das bekannteste Beispiel hierfür ist die Fourier-Analyse. Man wählt

als Funktion eine Überlagerung aus Sinus- und Kosinusfunktionen

$$f(t, a_0, a_1, \dots, a_J, b_1, \dots, b_J) = a_0 + \sum_{k=1}^J \left( a_k \cdot \cos(2\pi k \frac{t}{T}) + b_k \cdot \sin(2\pi k \frac{t}{T}) \right)$$

wobei  $T$  die Periodenlänge ist. Sind die Stützwerte  $t_i$  der Messwerte  $y_i$ ,  $i = 1, \dots, N$  äquidistant über die Periode  $T$  verteilt, so ergibt sich für die optimalen Parameter

$$a_0^* = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N y_i \quad a_k^* = \frac{2}{N} \sum_{i=1}^N y_i \cdot \cos(2\pi k \frac{t_i}{T}) \quad b_k^* = \frac{2}{N} \sum_{i=1}^N y_i \cdot \sin(2\pi k \frac{t_i}{T})$$



### 3 Prozessorientierte Modelle

Im vorherigen Kapitel haben wir ausgehend von Messwerten einen funktionalen Zusammenhang hergestellt. Manchmal hat man aber das Problem, dass es keine Messungen gibt. In diesem Fall fragt man die Experten z.B. Biologen oder Physiker wie sich das System, das man durch ein Modell beschreiben möchte, verhält<sup>1</sup>.

#### 3.1 Freier Fall

Will man beschreiben, in welcher Höhe  $H$  sich eine fallende Kugel zur Zeit  $T$  befindet, wenn sie zur Zeit  $t_0 = 0$  in der Höhe  $H_0$  losgelassen wird, so wird man vom Physiker erfahren, dass dies durch das Fallgesetz beschrieben wird und von der Erdbeschleunigung  $g$  abhängt. Der Physiker sagt:

Die Geschwindigkeit  $v$  eines fallenden Körpers ist proportional zur Fallzeit  $t$  mit der Proportionalitätskonstanten  $g$  ( bei Vernachlässigung der Reibung).

Man erhält also den funktionalen Zusammenhang

$$v(t) = g \cdot t$$

Die in einem Zeitintervall  $\Delta t$  zurückgelegte Strecke  $\Delta s$  ist durch

$$\Delta s = v(t) \cdot \Delta t$$

gegeben.

Tragen wir nun  $v$  in einem Geschwindigkeit-Zeitdiagramm auf, so erhält man die in dem Zeitintervall  $[t, t + \Delta t]$  zurückgelegte Strecke  $\Delta s$ , indem man das Intervall mit dem Geschwindigkeitswert bei  $t + \frac{\Delta t}{2}$  multipliziert. Dies entspricht gerade den Rechtecken in Abbildung 3.1.

Die Summe der Flächen aller dieser Rechtecke ergibt gerade die Fläche  $F$  des grauen Dreiecks in Abbildung 3.1 und beträgt

---

<sup>1</sup>Das Wissen der Experten basiert dabei im allgemeinen natürlich auch auf Messungen und deren Interpretation. Die Messdaten sind aber vielleicht im Laufe der Zeit verloren gegangen.

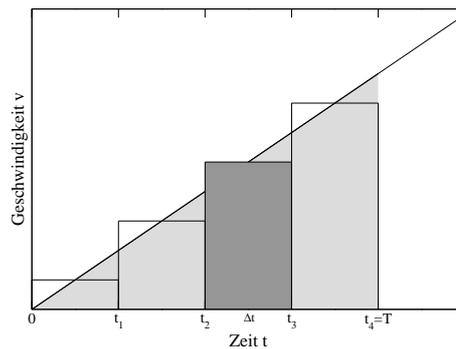


Abbildung 3.1: Geschwindigkeit-Zeit-Diagramm

$$F = \sum_{i=1}^n v(t_{i+\Delta t/2}) \cdot \Delta t = \frac{1}{2}T \cdot v(T) = \frac{1}{2}T \cdot g \cdot T = \frac{1}{2}g \cdot T^2$$

Hierbei ist  $t_0 = 0$  und  $t_n = T$ . Diese Fläche beschreibt den seit  $t_0$  zurückgelegten Weg, also  $s(t) = \frac{1}{2}g \cdot t^2$ .

Die Position der Kugel zur Zeit  $t$  beträgt dann  $H(t) = H_0 - s(t)$ . Das Minuszeichen rührt daher, dass die Kugel in Richtung Erdboden, also in Richtung geringerer Höhe, fällt. Die Höhe verringert sich also um die zurückgelegte Strecke. Unser gesuchtes Modell ist also durch

$$H(T) = H_0 - \frac{1}{2} \cdot g \cdot T^2$$

gegeben, wobei die Erdbeschleunigung  $g = 9,81 \text{ m/s}^2$  beträgt.

Genaugenommen muss man  $\Delta t$  infinitesimal klein machen, um das richtige Ergebnis zu erhalten. In diesem Beispiel ist die Funktion, unter der die Fläche bestimmt wird, linear, so dass das Ergebnis auch so stimmt.

Die Momentangeschwindigkeit  $v$  ist die zeitliche Ableitung des Weges  $s$ , also

$$v(t) = \frac{ds(t)}{dt} = \dot{s}(t) = s'(t).$$

Daraus ergibt sich für den Weg

$$s(t) = s(t_0) + \int_{t_0=0}^t v(x) dx = s_0 + \int_0^t g \cdot x dx = s_0 + \frac{1}{2}g \cdot x^2 \Big|_0^t = s_0 + \frac{1}{2}g \cdot t^2$$

Die Abweichung im Vorzeichen rührt daher, dass wir hier angenommen haben, dass  $s$  und  $v$  in dieselbe Richtung laufen. Ausserdem bezeichnet  $s$  hier wie üblich die

Position zur Zeit  $t$ .  $s(t_0)$  ist die Position zur Zeit  $t_0$ . Das Integral ist der in der Zeit von  $t_0$  bis  $t$  zurückgelegte Weg.

### 3.2 Die Wurfparabel

Ein Fussball werde vom Boden aus mit einer vorgegebenen Anfangsgeschwindigkeit unter einem vorgegebenen Winkel geschossen.

Wie weit fliegt der Ball, bis er zum erstem Mal wieder auf dem Boden aufkommt und wie hoch kommt er, wenn wir die Reibung vernachlässigen ?

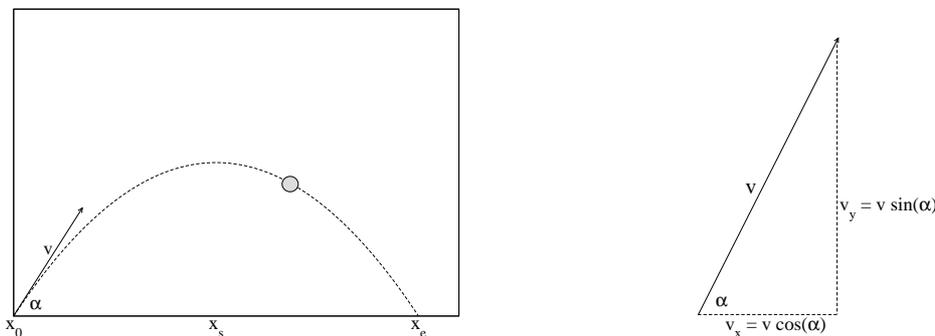


Abbildung 3.2: Die Wurfparabel und die Zerlegung der Geschwindigkeit  $v$  in die Komponenten  $v_x$  und  $v_y$

Gegeben sei also der Winkel  $\alpha$ , unter dem der Ball abgeschossen wird, und die Geschwindigkeit  $v$  zur Zeit  $t_0 := 0$ . Zunächst muss die Anfangsgeschwindigkeit  $v$  in ihre Komponenten zerlegt werden: Die zur Zeit  $t$  in  $x$ -Richtung zurückgelegte Strecke beträgt

$$x(t) = v_x \cdot t = v \cdot \cos \alpha \cdot t.$$

In  $y$ -Richtung wirkt die Schwerkraft, die zur Zeit  $t$  in  $y$ -Richtung zurückgelegte Strecke beträgt also (siehe Abschnitt 3.1)

$$y(t) = v_y \cdot t - \frac{g}{2} \cdot t^2 = v \cdot \sin \alpha \cdot t - \frac{g}{2} \cdot t^2.$$

Um nun zu bestimmen, wie weit der Ball fliegt, müssen wir herausfinden, bei welchem  $x$ -Wert  $y$  gerade null wird. Bisher haben wir aber nur Informationen darüber zu welcher Zeit, welcher  $x$ - bzw-  $y$ -Wert angenommen wird. Daher lösen wird die Gleichung für  $x$  nach  $t$  auf und setzen das Ergebnis in die Gleichung für  $y$  ein.

Nehmen wir mal an, dass wir denn Ball nicht senkrecht in die Höhe schiessen, also  $\alpha \neq 90^\circ$  ist, und  $\alpha \in [0, 90[$  (damit gilt  $\cos \alpha \neq 0$ ), so dürfen wir  $x = v \cdot \cos \alpha \cdot t$  zu

$$t = \frac{x}{v \cdot \cos \alpha}$$

umstellen. Einsetzen ergibt

$$y(x) = \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x^2. \quad (3.1)$$

Man erhält also tatsächlich eine nach unten geöffnete Parabel. Die Schnittpunkte mit der x-Achse erhält man, indem man nun  $y = 0$  setzt und nach  $x$  auflöst.

Man erhält die Lösungen  $x_0=0$ , den Abschusspunkt und

$$x_e = \frac{2v^2}{g} \cdot \sin \alpha \cdot \cos \alpha \quad , \text{ den Auftreffpunkt.} \quad (3.2)$$

Um nun die maximale Flughöhe zu ermitteln, müssen wir den y-Wert an der Scheitelstelle  $x_s$  der Parabel ermitteln. Aus Symmetriegründen gilt  $x_s = x_e/2$  und die maximale Flughöhe  $y_s$  beträgt:

$$y_s = \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x_s - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x_s^2. \quad (3.3)$$

**Zahlenbeispiel:** Der Abschusswinkel sei  $\alpha = 40^\circ$ , die Anfangsgeschwindigkeit  $v = 50 \text{ km/h}$ . Die Fallbeschleunigung beträgt auf der Erde  $g = 9,81 \text{ m/s}^2$ .

Zuerst muss die Geschwindigkeit in die richtigen Einheiten umgerechnet werden:

$$50 \frac{\text{km}}{\text{h}} = 50 \cdot \frac{1000 \text{ m}}{3600 \text{ s}} \approx 13,89 \frac{\text{m}}{\text{s}}$$

Einsetzen ergibt (Achtung: Winkel in Grad und nicht in Bogenmaß):

$$x_e \approx 19,36 \text{ m} \quad y_s \approx 4,06 \text{ m}$$

Der Fussball fliegt 19,36 m weit und erreicht eine maximale Flughöhe von 4,06 m .

Betrachten wir nun den Fall, dass der Abschusspunkt nicht auf dem Boden, sondern

in Höhe  $H$  vom Boden entfernt ist. Dann ist die Höhe des Balles durch

$$y(x) = H + \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x^2. \quad (3.4)$$

gegeben (vergleiche Gleichung 3.1).

Man erhält die Flugweite, indem  $y(x) = 0$  gesetzt wird und die Gleichung nach  $x$  aufgelöst wird. Es existieren zwei Lösungen, die man durch Lösen der quadratischen Gleichung erhält:

$$x_{1,2} = \frac{v^2}{g} \cos \alpha \left( \sin \alpha \pm \sqrt{\sin^2 \alpha + \frac{2gH}{v^2}} \right), \quad (3.5)$$

von denen die positive die gesuchte Flugweite  $x_e$  ist.

Für  $H = 0$  erhält man wiederum das Ergebnis aus 3.2.

Der Scheitelpunkt der Parabel liegt bei  $\frac{x_1+x_2}{2}$ . Er ist unabhängig von  $H$ :

$$x_s = \frac{v^2}{g} \cdot \sin \alpha \cdot \cos \alpha \quad (3.6)$$

Einsetzen von  $x_s$  in Gleichung 3.4 ergibt die maximale Flughöhe (vom Boden aus gemessen):

$$y_s = H + \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x_s - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x_s^2. \quad (3.7)$$

### 3.2.1 Skalierung

Betrachten wir noch einmal den Wurf unter einem Winkel  $\alpha$  vom Erdboden aus. Die Bahngleichung ist nach 3.1 durch

$$y(x) = \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x^2. \quad (3.8)$$

gegeben. Durch Skalierung kann man die festen Parameter  $g$  und  $v$  eliminieren. Mit

$$X = \frac{g}{2v^2} \cdot x \quad \text{und} \quad Y = \frac{g}{2v^2} \cdot y$$

gilt

$$Y(x) = \frac{g}{2v^2} \left( \frac{\sin \alpha}{\cos \alpha} \cdot x - \frac{g}{2v^2 \cdot \cos^2 \alpha} \cdot x^2 \right)$$

und damit

$$Y(X) = \tan \alpha \cdot X - \frac{1}{\cos^2 \alpha} \cdot X^2$$

Durch die Skalierung sind die dimensionsbehafteten Größen  $x$  und  $y$  (mit der Einheit Meter) dimensionslos geworden.

### 3.2.2 Die Einhüllende

Schaut man sich die Graphen der Wurfbahnen zu verschiedenen Winkeln an, so erkennt man, dass die Graphen eine Einhüllende besitzen (gestrichelte Linie in Abbildung 3.3).

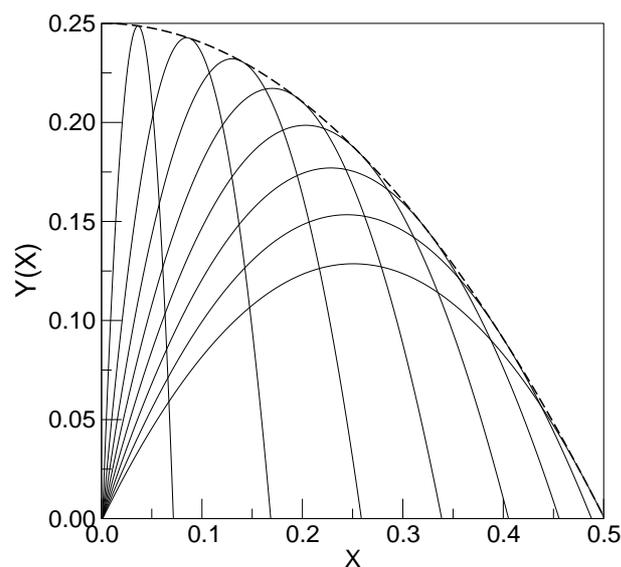


Abbildung 3.3: Wurfparabel zu verschiedenen Winkeln und deren Einhüllende (gestrichelt).

Man erhält die Funktionsvorschrift der Einhüllenden, indem man die Schnittpunkte der Graphen zu den Winkeln  $\alpha$  und  $\alpha + \Delta\alpha$  betrachtet :

$$Y(X, \alpha) = Y(X; \alpha + \Delta\alpha)$$

also

$$\frac{Y(X; \alpha + \Delta\alpha) - Y(X, \alpha)}{\Delta\alpha} = 0$$

Für  $\Delta\alpha$  gegen null ergibt sich

$$\frac{\partial Y(X; \alpha)}{\partial \alpha} = 0$$

Aus

$$Y(X, \alpha) = \tan \alpha \cdot X - \frac{1}{\cos^2 \alpha} \cdot X^2 \quad (3.9)$$

ergibt sich

$$\frac{\partial Y(X; \alpha)}{\partial \alpha} = \frac{1}{\cos^2 \alpha} \cdot X - 2 \cdot \frac{\sin \alpha}{\cos^3 \alpha} \cdot X^2$$

Dieses wird null für  $X = 0$  (uninteressant) und für

$$1 - 2 \cdot \frac{\sin \alpha_E}{\cos \alpha_E} \cdot X = 1 - 2 \tan \alpha_E \cdot X = 0$$

also

$$\tan \alpha_E = \frac{1}{2X}$$

Mit  $\cos^2 \alpha = \frac{1}{1 + \tan^2 \alpha}$  ergibt sich durch Einsetzen in Gleichung 3.9

$$Y_E(X) = \frac{1}{2X} \cdot X - \left(1 + \frac{1}{4X^2}\right) \cdot X^2 = \frac{1}{4} - X^2$$

### 3.3 Bakterienwachstum

Aus der Mikrobiologie ist bekannt, dass sich Bakterien einiger Arten alle 20 Minuten teilen. Wir nehmen an, dass sich dabei auch die Bakterienbiomasse alle 20 Minuten verdoppelt. Ein Bakterium hat in etwa einen Durchmesser von  $0.5\ \mu\text{m}$ .

**Zielfrage:** Wieviele Bakterien entstehen aus einer vorgegebenen Anzahl in einer vorgegebenen Zeit?

Anhand der uns zur Verfügung stehenden Information stellen wir folgendes Wachstumsmodell auf:

|                        |                                |   |
|------------------------|--------------------------------|---|
| Bakterienzahl zur Zeit | $t_0 = 0\ \text{min}$          | $x_0$   |
|                        | $t_1 = 20\ \text{min}$         | $x_1 = 2 \cdot x_0$   |
|                        | $t_2 = 40\ \text{min}$         | $x_2 = 2 \cdot x_1 = 2 \cdot 2 \cdot x_0$                                 |
|                        | $\vdots$                       | $\vdots$  |
|                        | $t_n = n \cdot 20\ \text{min}$ | $x_n = 2 \cdot x_{n-1} = 2 \cdot \dots \cdot 2 \cdot x_0 = 2^n \cdot x_0$ |

Man erhält das Wachstumsmodell des exponentiellen Wachstums in expliziter Darstellung

$$x_n = 2^n \cdot x_0 ,$$

oder in impliziter (rekursiver) Darstellung

$$x_n = 2 \cdot x_{n-1} ,$$

wobei jeweils  $x_0$  als Anfangswert vorgegeben wird.

**Anmerkung für Analytiker:**

Beweis der expliziten Formel durch vollständige Induktion

Induktionsanfang:  $n = 0 : x_0 = 2^0 \cdot x_0$

Induktionsschritt  $n - 1 \rightarrow n :$

Es gelte  $x_{n-1} = 2^{n-1} \cdot x_0$ , dann ist

$$x_n = 2 \cdot x_{n-1} = 2 \cdot 2^{n-1} \cdot x_0 = 2^n \cdot x_0 .$$

## Überprüfung der Plausibilität des Modells

Wieviele Bakterien gibt es nach einem Tag und welches Volumen nehmen sie ein ?

Ein Tag hat  $24 \cdot 3 \cdot 20$  Minuten, entspricht also 72 Zeitschritten. Unter der Annahme, dass zu Anfang ein Bakterium existiert, hat man nach 72 Zeitschritten

$$x_{72} = 2^{72} = 10^{72 \log 2} \approx 10^{21.674} \approx 4.7 \cdot 10^{21}$$

Bakterien.

Nun, solch eine Zahl sagt uns anschaulich nicht mehr viel. Schauen wir uns das Volumen an. Wir nehmen der Einfachheit halber an, dass die Bakterien kugelförmig sind und trotzdem dicht an dicht (ohne Lücken) gepackt liegen. Damit unterschätzen wir das tatsächliche Volumen.

Das Volumen  $V_B$  eines Bakteriums mit einem Durchmesser von  $d = 0.5 \mu\text{m} = 0.5 \cdot 10^{-6} \text{m}$  beträgt

$$V_B = \frac{4}{3}\pi \left(\frac{d}{2}\right)^3 = \frac{4}{3}\pi \left(0.25 \cdot 10^{-6}\right)^3 \text{m}^3 = \frac{1}{48}\pi \cdot 10^{-18} \text{m}^3 .$$

Das Gesamtvolumen  $V$  beträgt also nach einem Tag

$$V = x_{72} \cdot V_B = 47 \cdot 10^{20} \cdot \frac{1}{48} \cdot \pi \cdot 10^{-18} \text{m}^3 \approx 3 \cdot 10^2 \text{m}^3 .$$

Dieses Volumen entspricht einem Quader der Kantenlänge  $3 \text{m} \times 10 \text{m} \times 10 \text{m}$ , also in etwa einem großen Seminarraum.

Vielleicht ist die von uns angenommene Wachstumsrate zu groß.

Bisher ist die Zahl der Bakterien, die pro Zeitschritt hinzukommt, genauso groß wie die Zahl bereits existierender Bakterien. Die Änderung der Zellzahl ist also zu jeder Zeit die Zellzahl selbst:

$$x_{n+1} = 2 \cdot x_n = x_n + x_n = x_n + 1 \cdot x_n$$

Die Wachstumsrate beträgt 1.

Vielleicht müssen wir diese Wachstumsrate verringern. Setzen wir anstelle von 1 nun den Parameter  $r$  ein, so erhalten wir folgendes Modell:

$$x_{n+1} = x_n + r \cdot x_n = (1 + r) \cdot x_n \quad r \in \mathbb{R}^+$$

Wir erhalten nun folgende explizite Darstellung:

$$x_{n+1} = (1+r) \cdot x_n = (1+r) \cdot (1+r) \cdot x_{n-1} = \dots = (1+r)^{n+1} \cdot x_0$$

oder anders geschrieben

$$x_n = x_0 \cdot (1+r)^n = x_0 \cdot e^{\ln(1+r)^n} = x_0 \cdot e^{n \cdot \ln(1+r)}$$

Es handelt sich hierbei um das Modell des exponentiellen Wachstums. Für jede positive Wachstumsrate  $r$  wächst die Zahl der Bakterien schliesslich über alle Grenzen. Also wächst die Bakterienzahl auch dann über alle Grenzen, wenn wir die Wachstumsrate verringern (Abbildung 3.4).

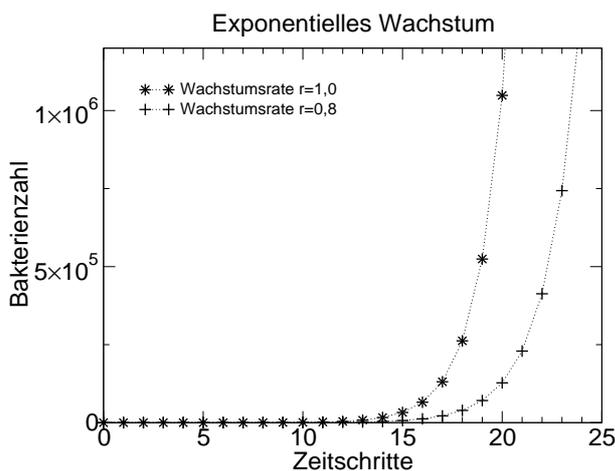


Abbildung 3.4: Vergleich des exponentiellem Wachstums für die Wachstumsrate  $r = 1$  (\*) und  $r = 0,8$  (+).

Nun, irgendetwas ist also immer noch falsch. Wir haben bisher eine sehr grobe Zielfrage im Auge gehabt. Anfangs wurde nicht spezifiziert, für welche Zeiträume das Modell Gültigkeit haben soll. Wenn wir die Zahl der Bakterien nach wenigen Stunden bestimmen, so scheint das Modell plausible Ergebnisse zu liefern (Übung).

Wir müssen also entweder den Gültigkeitsbereich einschränken oder das Modell an den gewünschten Gültigkeitsbereich anpassen. Zuerst stellt sich die Frage, warum der Gültigkeitsbereich eingeschränkt ist.

Bakterien brauchen zum Wachstum Nährstoffe und i.a. Sauerstoff. Lässt man eine Bakterienkultur in einer Petrischale auf Nährlösung wachsen, so wird die Nährlösung nach und nach verbraucht. Je dicker der Bakterienrasen wird, desto schlechter wer-

den innen liegende Zellen mit Sauerstoff und Nährstoffen versorgt. Es gibt also eine Nährstofflimitierung und eine Limitierung durch den zur Verfügung stehenden Platz. Bakterien werden also mit abnehmendem Nährstoff- und Raumangebot immer langsamer wachsen und sich dementsprechend auch immer seltener teilen.

Wir müssen die Wachstumsrate mit zunehmender Bakterienzahl abnehmen lassen, also

$$x_{n+1} = x_n + R(x_n) \cdot x_n$$

wobei  $R$  nun eine Funktion der Bakterienzahl ist, die monoton fallend sein soll, also z.B.

$$R(x) = 1 - \frac{x}{1000000}$$

Für sehr kleine Bakterienzahlen beträgt  $R$  nahezu 1, und wird immer kleiner, je mehr sich die Zahl der Bakterien einer Million nähert.

Wir erhalten also das verbesserte Modell:

$$x_{n+1} = x_n + \left(1 - \frac{x_n}{1000000}\right) \cdot x_n$$

Um nun nicht immer 1000000 schreiben zu müssen, setzen wir  $K=1000000$ .  $K$  heisst Kapazität der Bakterienpopulation.

$$x_{n+1} = x_n + \left(1 - \frac{x_n}{K}\right) \cdot x_n$$

Dieses ist das Modell des logistischen Wachstums. Für kleine Bakterienzahlen wächst die Population nahezu ungebremst. Je größer die Population wird, desto langsamer wächst sie (Abbildung 3.7).

Auch das logistische Wachstum kann man verallgemeinern:

$$x_{n+1} = x_n + r \cdot \left(1 - \frac{x_n}{K}\right) \cdot x_n \quad r \in \mathbb{R}^+ \quad (3.10)$$

Ist die Zellzahl sehr klein gegenüber der Maximalkapazität, beträgt die Wachstumsrate nun in etwa  $r$ .

Die rechte Seite kann man nun als Funktion der Zellzahl  $x$  schreiben. Sie gibt an,

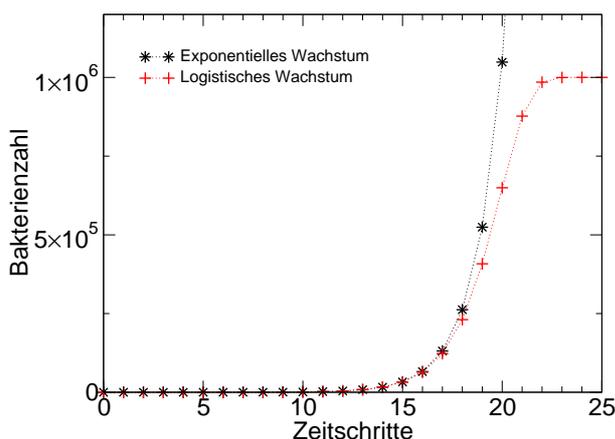


Abbildung 3.5: Vergleich zwischen exponentiellem Wachstum und logistischem Wachstum. Startwert  $x_0 = 1$ .

wie groß die Zellzahl im jeweils nächsten Zeitschritt ist:

$$f(x) = x + r \cdot \left(1 - \frac{x}{K}\right) \cdot x = -\frac{r}{K}x^2 + (1+r) \cdot x = (1+r) \cdot \left(1 - \frac{r}{(1+r) \cdot K} \cdot x\right) \cdot x$$

Die Zellzahl ist also als Funktion der Zellzahl im vorherigen Zeitschritt zu verstehen. Der Zeitschritt spielt nun keine Rolle mehr. In Abbildung 3.6 ist der Graph der Funktion  $f$  für  $K = 1000000$  und  $r = 1$  gegeben. Es handelt sich um eine nach unten geöffnete, gestauchte und nach rechts verschobene Parabel.

Es gilt:

- $f(0)=0$ , d.h wenn keine Bakterien da sind, entstehen auch keine,
- $f(K)=K$ , wenn die Bakterienzahl gerade gleich der Maximalkapazität ist, verändert sie sich nichts mehr,
- für  $0 < x < K$ , gilt  $f(x) > x$ , die Zellzahl nimmt zu,
- für  $x > K$ , gilt  $f(x) < x$ , die Zellzahl nimmt ab.

Zeichnet man zusätzlich die Gerade  $y = x$  in den Graphen ein, so geben die Schnittpunkte des Graphen der Geraden mit dem Graphen der Funktion gerade die Zellzahlen an, bei denen sich nichts mehr ändert, also  $f(x) = x$  gilt. In unserem Beispiel also, wenn

$$x + r \cdot \left(1 - \frac{x}{K}\right) \cdot x = x \quad \text{oder} \quad r \cdot \left(1 - \frac{x}{K}\right) \cdot x = 0$$

gilt. Dies gilt für  $x=0$  und  $x=K$ .

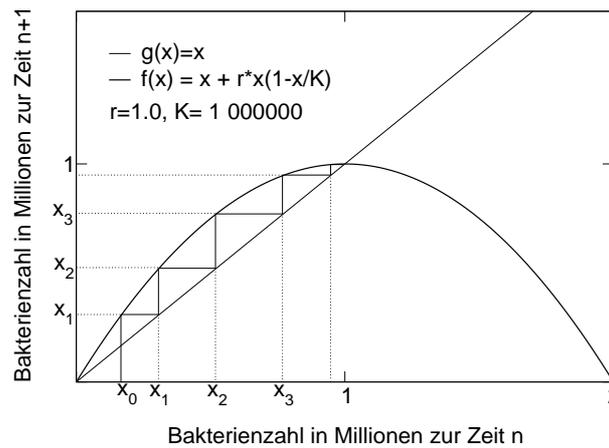


Abbildung 3.6: Graphische Lösung des Modells zum logistischen Wachstum.

Man kann das Modell auch graphisch simulieren. Dazu wählt man einen Anfangswert für die Zellzahlen und bestimmt die Zellzahlen der folgenden Schritte, wie in Abbildung 3.6 dargestellt.

Vergrößert man die Wachstumsrate  $r$  passieren merkwürdige Dinge. Das System erreicht nicht mehr zwingend den Fixpunkt bei  $K$  sondern oszilliert oder macht sogar Chaos. Dies ist eine Folge des diskreten Zeitschritts. Befindet sich das System zur Zeit  $n - 1$  unterhalb der Maximalkapazität und ist die Wachstumsrate gross, schießt es mit dem nächsten Schritt  $n$  über die Maximalkapazität hinaus. Im Schritt  $n + 1$  fällt es dann wieder unter  $K$ .

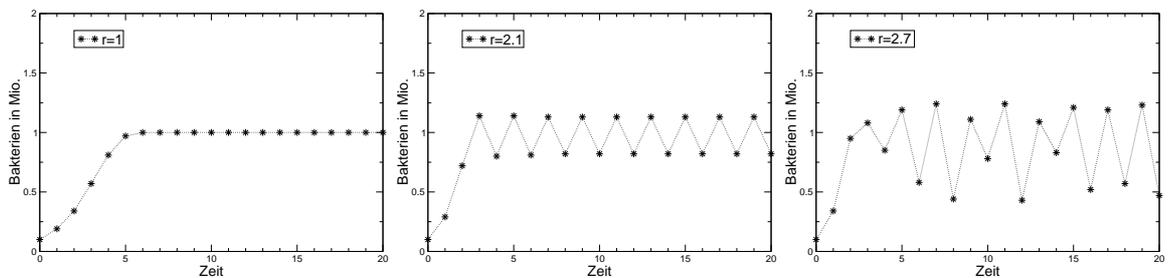


Abbildung 3.7: Logistisches Wachstum für die Wachstumsraten  $r = 1$  (links),  $r = 1.2$  (Mitte) und  $r = 2.7$  (rechts). Startwert  $x_0 = 0.1$  Mio.

Um dieses Verhalten zu vermeiden, muss man den Zeitschritt verkleinern, infinitesimal werden lassen.



## 4 Modellierung mit Differentialgleichungen

Gehen wir noch einmal zurück zu dem Bakterienmodell des exponentiellen Wachstums:

$$x_{n+1} = x_n + r \cdot x_n ,$$

wobei  $x_0$  als Anfangswert vorgegeben wird. Dieses Modell berechnet die Bakterienzahl von Zeitschritt zu Zeitschritt ( $n \rightarrow n + 1$ ).

Betrachtet man nun die Bakterienzahl zu einer Zeit und wählt den Zeitschritt  $\Delta t$ , so bleibt mit

$$x(t + \Delta t) = x(t) + r \cdot x(t) \cdot \Delta t ,$$

für  $\Delta t = 1$  alles beim alten. Nun stellen wir die Gleichung um und lassen  $\Delta t$  immer kleiner werden. Der Differenzenquotient geht über in den Differentialquotienten

$$\begin{aligned} \frac{x(t+\Delta t)-x(t)}{\Delta t} &= r \cdot x(t) \\ \downarrow & \\ \frac{dx(t)}{dt} &= r \cdot x(t) \end{aligned}$$

Man erhält die Differentialgleichung (DGL) des exponentiellen Wachstums:

$$\frac{dx(t)}{dt} = r \cdot x(t) \quad \text{kurz} \quad x' = r \cdot x \quad \text{oder} \quad \dot{x} = r \cdot x, \quad (4.1)$$

sie hat die Lösung

$$x(t) = C \cdot e^{r \cdot t} .$$

$C$  ist eine freie Konstante, die durch den Anfangswert bestimmt wird. Der Parameter  $r$  heisst Wachstumsrate.

### 4.1 Die Wachstumsrate

Betrachten wir noch einmal den diskreten Fall

$$x_{n+1} = (1 + r) \cdot x_n = x_0 \cdot (1 + r)^{n+1} = x_0 \cdot e^{(n+1) \cdot \ln(1+r)}$$

Für  $n=0$  ergibt sich  $x_1 = x_0 \cdot e^{\ln(1+r)}$ . Im stetigen Fall gilt  $x(1) = x_0 \cdot e^\alpha$ . Um also mit dem diskreten und dem stetigen Modell dasselbe Wachstum zu erreichen, muss  $\alpha = \ln(1+r)$  gesetzt werden.

$$x(t) = x_0 \cdot e^{(\ln(1+r)) \cdot t} = x_0 \cdot e^{\ln(1+r)^t} = x_0 \cdot (1+r)^t ,$$

Will man ganz speziell nach einem Zeitschritt eine Verdopplung ( $r=1$ ) erreichen, so gilt  $\alpha = \ln 2$ :

$$x(t) = x_0 \cdot e^{(\ln 2) \cdot t} = x_0 \cdot e^{\ln 2^t} = x_0 \cdot 2^t ,$$

Für alle, die die Vorlesung zu Differentialgleichungen nicht gehört haben, sei an dieser Stelle der Anhang A empfohlen.

## 4.2 Aufstellen einer DGL am Beispiel auslaufender Gefäße

### 4.2.1 Der auslaufende Zylinder

Ein Gefäß mit festem Querschnitt  $F$  habe ein kleines Loch am Boden. Anfangs sei es bis zur Höhe  $H_0$  gefüllt. Die zeitlich veränderliche Füllhöhe  $H(t)$  ist die Systemvariable, d.h. es ist die Funktion  $H(t)$  gesucht, die das System beschreibt. Diese erhält man, indem man die Änderung der Höhe mit der Zeit beschreibt. Wenn Reibung und Zähigkeit dominieren (das Loch ist klein), ist die Auslaufgeschwindigkeit (Änderung des Füllvolumens pro Zeiteinheit) proportional zum Druck am Loch, und dieser ist proportional zur Höhe  $H$ . Die Proportionalitätskonstante hängt von Zähigkeit, Lochform und Lochgröße ab. Das sind Größen, die sich während des Auslaufprozesses nicht ändern. Die Auslaufgeschwindigkeit hat die Dimension Volumen/Zeit, man muss deshalb zur Herleitung der Differentialgleichung für  $H$  den Umweg über die Änderung des Füllvolumens  $\Delta V$  im Zeitintervall  $\Delta t$  gehen:

Es gilt, da die Zylinderfläche  $F$  konstant ist  $\Delta V = F \cdot \Delta H$ , also

$$\Delta V = F \cdot \Delta H = -k \cdot H \cdot \Delta t \quad \text{also} \quad \Delta H = -\frac{k}{F} \cdot H \cdot \Delta t . \quad (4.2)$$

wobei  $k$  die Proportionalitätskonstante ist. Der Grenzübergang liefert

$$\dot{H} = -\frac{k}{F} \cdot H, \quad (4.3)$$

Gleichung 4.3 hat dieselbe Form wie Gleichung 4.1. Sie hat für die Anfangsbedingung  $H(0) = H_0$  die Lösung

$$H(t) = H_0 \cdot \exp\left(-\frac{k \cdot t}{F}\right). \quad (4.4)$$

Die Füllhöhe des Zylinders nimmt also mit der Zeit exponentiell ab.

Um den Wert von  $k$  zu bestimmen und um die Bedeutung von  $k$  besser zu erkennen, kann man im Gedanken experimentieren: Überlegen wir zuerst, welche Einheit  $k$  hat:  $\dot{V}$  hat die Einheit Volumen pro Zeit, z.B. Kubikmeter pro Sekunde,  $H$  hat die Einheit Länge z.B. Meter, dann muss nach Gleichung 4.3 der Parameter  $k$  die Einheit Fläche pro Zeit also z.B. Quadratmeter pro Sekunde haben.

Angenommen, ein Zylinder mit einem Radius von  $R = 5 \text{ cm}$  sei anfangs bis  $H_0 = 30 \text{ cm}$  mit Wasser gefüllt, und wir beobachten, dass der Wasserstand in der Zeit  $\Delta t = 1 \text{ min}$  um  $\Delta H = -1 \text{ cm}$  gesunken ist. Dann kann man  $k$  abschätzen. Das in  $\Delta t$  ausgelaufene Volumen  $\Delta V$  ist näherungsweise gleich dem Produkt aus Anfangsauslaufgeschwindigkeit  $kH_0$  und Zeitintervall :

$$\Delta V = F \cdot \Delta H \approx -kH_0 \cdot \Delta t$$

Damit gilt

$$k \approx \frac{-\Delta H \cdot F}{H_0 \cdot \Delta t} = \frac{-(-1 \text{ cm}) \cdot (\pi \cdot (5 \text{ cm})^2)}{30 \text{ cm} \cdot 1 \text{ min}} \approx \frac{78,54 \text{ cm}^2}{30 \text{ min}} \approx 2,62 \text{ cm}^2 / \text{min}$$

#### 4.2.2 Der auslaufende Trichter

Im Falle des Zylinders änderte sich die Fläche der Wasseroberfläche nicht. Anders beim Trichter. Hier verändert sich die Fläche  $F(h)$  in Abhängigkeit von der Füllhöhe

$H$ . Für das Wasservolumen im Trichter bei der Füllhöhe  $H$  gilt

$$V(H) = \int_0^H F(h) dh$$

Nimmt man wieder an, dass die Auslauföffnung sehr klein ist, so ist die Auslaufgeschwindigkeit proportional zum Druck, als proportional zur Füllhöhe  $H$ . Es gilt also wieder

$$\Delta V = -k \cdot H \cdot \Delta t$$

also

$$\dot{V} = -k \cdot H.$$

Nach der Kettenregel gilt

$$\dot{V} \equiv \frac{dV(H(t))}{dt} = \frac{dV(H)}{dH} \cdot \frac{dH}{dt} = F(H) \cdot \dot{H}$$

Damit gilt

$$\dot{H} = -k \frac{H}{F(H)} \tag{4.5}$$

Geht man davon aus, dass der Radius des Trichters bei der anfänglichen Füllhöhe  $H_0$  den Wert  $R_0$  hat, so gilt für die Fläche<sup>1</sup>

$$F(H) = \pi \left( \frac{R_0}{H_0} \cdot H \right)^2 = F_0 \cdot \left( \frac{H}{H_0} \right)^2$$

Man erhält die Differentialgleichung für die Füllhöhe:

$$\dot{H} = -\frac{k \cdot H_0^2}{F_0} \cdot \frac{1}{H} \tag{4.6}$$

<sup>1</sup>Der Trichter besitzt gerade Seiten, damit ist der Radius in Abhängigkeit von der Füllhöhe durch eine Geradengleichung gegeben, also  $R(H) = m \cdot H + b$ . Da nun  $R(H_0) = H_0$  gilt und  $R(0) = 0$ , folgt  $b = 0$  und  $a = \frac{R_0}{H_0}$  (Steigung), also  $R(H) = \frac{R_0}{H_0} \cdot H$ .

Man erhält als Lösung<sup>2</sup>

$$H(t) = H_0 \cdot \sqrt{\max\left(0, 1 - \frac{2k \cdot t}{F_0}\right)} \quad (4.7)$$

---

<sup>2</sup>Aus Gleichung 4.6 folgt  $H \cdot \dot{H} = -A$ , mit  $A = \frac{kH_0^2}{F_0}$ . Integration auf beiden Seiten führt zu

$$\int_0^t H(s) \cdot \dot{H}(s) ds = -A \cdot t$$

Partielle Integration der linken Seite führt zu

$$H(s) \cdot H(s) \Big|_0^t - \underbrace{\int_0^t H(s) \cdot \dot{H}(s) ds}_{-A \cdot t} = -A \cdot t$$

$$H(t)^2 - H_0^2 = -2A \cdot t$$

$$H(t) = \sqrt{H_0^2 - 2A \cdot t} = H_0 \cdot \sqrt{1 - \frac{2k}{F_0} \cdot t} \quad \text{mit} \quad F_0 = F(H_0)$$



## 5 System mit einer Variablen

### 5.1 Das logistische Wachstum

In Abschnitt haben wird das das logistische Wachstum kennengelernt. Im diskreten Fall hatte das logistische Wachstum folgende Form

$$Y_{n+1} = Y_n + r \cdot \left(1 - \frac{Y_n}{K}\right) \cdot Y_n .$$

Diese Gleichung geht nun in

$$\frac{dY(t)}{dt} = r \cdot \left(1 - \frac{Y}{K}\right) \cdot Y$$

über.

Am Richtungsfeld kann man drei verschiedene Lösungstypen erkennen:

1. Lösungen, die zwischen 0 und K bleiben und monoton wachsen
2. Lösungen, die sich monoton fallend K annähern
3. Lösungen, die sich von 0 nach unten entfernend gegen  $-\infty$  streben

Das logistische Wachstum weist für kleine Anfangswerte  $Y_0$  zunächst ein exponentielles Wachstum, denn in diesem Fall gilt

$$\frac{dY(t)}{dt} = r \cdot \left(1 - \frac{Y}{K}\right) \cdot Y = r \cdot Y - \frac{r}{K} \cdot Y^2 \approx r \cdot Y .$$

Für Startwerte in der Nähe von  $K/2$  ist das Wachstum zunächst linear.

Die sigmoiden Lösungen ( $0 < Y_0 < K/2$ ) der logistischen Differentialgleichung sind punktsymmetrisch am Wendepunkt (Übung !). Daher nähern sich Lösungen in der Nähe von  $K$  exponentiell dem Wert  $K$ .

Die logistische Differentialgleichung kann man noch analytisch lösen, die beschränkten Lösungen lauten

$$Y(t) = K \cdot \frac{e^{r(t-m)}}{1 + e^{r(t-m)}} \quad -\infty < m < \infty$$

Dies ist eine Funktionenschar, der Scharparameter kann alle reellen Werte annehmen und hängt für das Anfangswertproblem  $Y(0) = Y_0$  von  $Y_0$  ab.

## 5.2 Stationäre Zustände

Autonome System der Form  $\dot{Y} = f(Y)$  haben gewöhnlich spezielle Lösungen der Form

$$Y(t) = Y^* = \textit{konstant} ,$$

d.h. dass die Änderung von  $Y$  gleich null ist, also  $\dot{Y} = 0$  Die Konstante  $Y^*$  erfüllt also die Gleichung

$$f(Y^*) = 0 .$$

Diese zeitlich unveränderlichen Lösungen heissen **stationäre Zustände, stationäre Lösungen, Gleichgewichtszustände** oder kurz **Fixpunkte**.

Im Fall des logistischen Wachstums gibt es zwei stationäre Zustände:

$$Y^* = 0 \text{ und } Y^* = K .$$

### 5.2.1 Stabilität stationärer Zustände

Es gibt zwei Arten von stationären Zuständen:

1. **stabil**: kleine Abweichungen wachsen nicht, genauer:

**asymptotisch stabil**: kleine Abweichungen verschwinden

**marginal stabil**: kleine Abweichungen wachsen nicht

2. **instabil**: es gibt kleine Abweichungen, die wachsen

Für das logistische Wachstum gilt, dass  $Y^* = 0$  instabil ist. Sobald man vom stationären Zustand auch nur ein wenig abweicht, fängt die Lösung an zu wachsen.  $Y^* = K$  ist stabil. Sobald man ein wenig von  $K$  abweicht, läuft das System zu  $K$  zurück.

Mathematisch präzise :

**Definition 5.2.1** Ein stationärer Zustand heisst **stabil**, wenn es zu jedem  $\epsilon > 0$  ein  $\delta > 0$  gibt, so dass alle Lösungen, die anfangs höchstens um  $\delta$  vom stationären Zustand abweichen, für alle späteren Zeiten höchstens um  $\epsilon$  vom stationären Zustand abweichen.

Diese Definition schließt die „marginal“ stabilen Fälle ein. Einen stationären Zustand heisst auch dann „instabil“, wenn nicht alle kleinen „Störungen“ zu wachsenden Abweichungen führen. Es muss nur solche wachsenden Störungen geben.

### Bestimmung der Stabilität eines stationären Zustands

Bei autonomen Systemen mit einer Zustandsvariablen kann schnell festgestellt werden, ob ein stationärer Zustand stabil ist oder nicht. Man bildet dazu die Ableitung der rechten Seite der Differentialgleichung nach der Zustandsvariablen im stationären Zustand:

$$\gamma = \frac{df(Y^*)}{dY}$$

Es gilt :

$\gamma > 0$ :  $Y^*$  ist instabil

$\gamma < 0$ :  $Y^*$  ist stabil

$\gamma = 0$ : weitere Analysen sind erforderlich

Man kann dies verstehen, wenn man die rechte Seite der Differentialgleichung am stationären Zustand  $Y^*$  linear approximiert (Taylorentwicklung bis zum ersten Glied<sup>1</sup>), und die Differentialgleichung für die „Störung“  $y = Y^* - Y$  betrachtet:

$$f(Y) = f(Y^* + y) \approx f(Y^*) + \frac{df(Y^*)}{dY} \cdot y = \frac{df(Y^*)}{dY} \cdot y = \gamma \cdot y \quad (5.1)$$

Nun gilt mit  $Y = Y^* + y$  aber  $\dot{Y} = \dot{y} = f(Y)$ . Man erhält also für die Abweichung  $y$  vom stationären Zustand  $Y^*$  die Differentialgleichung

$$\dot{y} = \dot{Y} = f(Y) \approx \frac{df(Y^*)}{dY} \cdot y = \gamma \cdot y$$

mit der Lösung

$$y(t) = C \cdot e^{\gamma t}$$

Damit wächst die „Störung“ für  $\gamma > 0$  exponentiell (instabil) und zerfällt exponen-

---

<sup>1</sup>

$$f(x_0 + h) \approx f(x_0) + f'(x_0) \cdot h$$

tiell für  $\gamma < 0$  (stabil). Dieses Verfahren nennt man auch „Linearisierung am stationären Zustand“

Für das logistische Wachstum

$$\dot{Y} = f(Y) = r \cdot \left(1 - \frac{Y}{K}\right) \cdot Y \quad r > 0$$

gilt

$$\frac{df(Y)}{dY} = r - \frac{2r}{K} \cdot Y$$

Für  $Y^* = 0$  gilt:  $\gamma = r > 0$ , der Zustand ist instabil

Für  $Y^* = K$  gilt:  $\gamma = r - 2r < 0$ , der Zustand ist stabil

### 5.3 Skalierung der logistischen Differentialgleichung

Wie schon im diskreten Fall kann man auch bei der logistischen Differentialgleichung zwei Parameter loswerden:

Setze  $y = \frac{Y}{K}$ , dann gilt

$$\dot{y} = \frac{1}{K} \dot{Y} = r \cdot \frac{Y}{K} \cdot \left(1 - \frac{Y}{K}\right) = r \cdot y \cdot (1 - y)$$

Damit liegt der stabile stationäre Zustand nun bei  $y^* = 1$ . Man kann dies so interpretieren, dass die dimensionslose Zustandsgröße  $y$  den Anteil an der Maximalkapazität  $K$  angibt. Jetzt spielt es keine Rolle mehr, wie groß  $K$  ist.

Um auch noch  $r$  loszuwerden, muss man die Zeit skalieren. Für die „neue“ Zeit  $s = r \cdot t$  gilt nach der Kettenregel

$$\frac{dy}{dt} = \frac{dy(s(t))}{dt} = \frac{dy(s)}{ds} \cdot \frac{ds(t)}{dt}$$

Mit  $\frac{ds(t)}{dt} = r$  folgt

$$\frac{dy(s)}{ds} = \frac{1}{r} \cdot \frac{dy}{dt} = y \cdot (1 - y)$$

Beträgt die maximale Wachstumsrate z.B. 5 pro Minute, und läuft die Zeit  $t$  in Minuten, so läuft die neue Zeit nun in 5 Minuten Abschnitten, so dass die neue maximale Wachstumsrate gerade eins wird.

## 5.4 Wachstums und Sterbeprozesse

Betrachtet man die Veränderung einer Population, so kann man für die Populationsgröße ganz allgemein die Differentialgleichung

$$\dot{N} = \text{Wachstum} - \text{Sterben} \quad (5.2)$$

aufstellen. Im allgemeinen ist das Wachstum von der aktuellen Populationsgröße abhängig, also

$$\text{Wachstum} = r \cdot N \quad (5.3)$$

Es findet kein Wachstum aus dem nichts statt.

Auch der Anteil der stirbt hängt von der aktuellen Populationsgröße ab

$$\text{Sterben} = \mu \cdot N \quad (5.4)$$

Sind  $r$  und  $\mu$  Konstanten, kann man sie zu einer Nettowachstumsrate  $d$  zusammenfassen

$$\dot{N} = d \cdot N \quad (5.5)$$

Anders ausgedrückt, bedeutet es, dass

$$\frac{\dot{N}}{N} = \textit{konstant} \quad (5.6)$$

gilt.

Im fall des logistischen Wachstums gilt:

$$\dot{N} = R(N) \cdot N \quad R(N) = r \cdot \left(1 - \frac{N}{K}\right) \quad (5.7)$$

also

$$\frac{\dot{N}}{N} = R(N) \quad (5.8)$$

Dieses ist das Wachstumsmodell nach Verhulst (1838) . Es handelt sich um ein dichtereguliertes Wachstum. Für  $R(N) > 0$  nimmt die Population zu, für  $R(N) < 0$  nimmt sie ab. Unter idealen Bedingungen beträgt die Wachstumsrate  $r$



## 6 Systeme mit 2 Variablen

### 6.1 Räuber-Beute-Modelle

Beim Beispiel des Bakterienwachstums sind wir davon ausgegangen, dass die Abnahme der Wachstumsrate von der Bakterienbiomasse selbst abhängt. Je mehr Bakterien da sind, umso schlechter kann die Population wachsen. Dies nennt man auch intraspezifische Konkurrenz. Im folgenden wollen wir überlegen was passiert, wenn eine andere Art die Population dezimiert und deren Biomasse also von der ersten Art abhängt. Solche Modelle werden auch Räuber-Beute-Modelle genannt. Traditionell spricht man von Hasen als Beute und Füchsen als Räuber. In Wirklichkeit fressen Füchse wohl keine Hasen und es wäre sinniger, Luchse als Räuber zu nehmen, aber das interessiert den Mathematiker nicht wirklich. In diesem Abschnitt soll also das Zusammenspiel zwischen einer Beutepopulation, den Hasen und einer Räuberpopulation, den Füchsen simuliert werden (Abbildung 6.1). Hierzu machen wir folgende Annahmen.

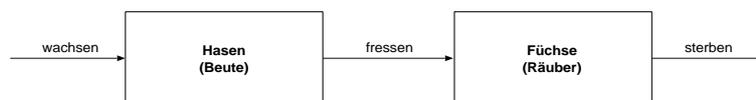


Abbildung 6.1: Diagramm des Räuber-Beute-Systems. Die Pfeile geben den Biomassenfluss an.

1. Die Hasen wachsen in Abhängigkeit der Anzahl der aktuell vorhandenen Hasen.
2. Die Füchse fressen einen Teil der Hasen, umso mehr, je mehr Hasen da sind.
3. Ein Teil der Füchse stirbt

Sei  $B(t)$  (Beute) die Anzahl der Hasen und  $R(t)$  (Räuber) die Anzahl der Füchse zur Zeit  $t$ .

Zur Zeit  $t_0 = 0$  sei die Zahl der Hasen  $B_0 = 200$ , die Zahl der Füchse  $R_0 = 20$ .

Wir nehmen in Kauf, dass auch nicht-ganzzahlige Werte vorkommen können. Wenn das stört, der kann als Einheit auch kg Hasen und kg Füchse wählen.

Das Wachstum der Hasen wird wie in Abschnitt 5.1 durch

$$\dot{B} = r \cdot B$$

beschrieben. Hierbei ist  $r$  die Wachstumsrate der Hasen. Wir nehmen an, dass die Wachstumsrate der Hasen  $r = 0.01$  pro Tag beträgt. Das bedeutet, dass die Hasenpopulation jeden Tag um 1 % wächst, wenn keine Hasen gefressen werden. Die Abnahme der Räuber ist durch

$$\dot{R} = -s \cdot R$$

beschrieben. Hierbei ist  $s$  die Sterberate der Räuber. Wir nehmen an, dass die Sterberate der Füchse  $s = 0.05$  pro Tag beträgt. Das bedeutet, dass die Fuchspopulation jeden Tag um 5 % abnimmt, wenn nichts gefressen wird.

Nun müssen wir noch berücksichtigen, wieviel ein Fuchs frisst. Klar ist, dass er nichts zu fressen findet, wenn es keine Hasen gibt, und dass er umso mehr frisst, je mehr Hasen da sind (er muss dann nicht so lange suchen). Die Wachstumsrate der Füchse  $w$  wird also von der Hasenzahl abhängen, z.B.

$$w(B) = b \cdot B$$

Setzen wir für den Parameter  $b = 0.0004$ , dann gilt bei 100 Hasen gerade  $w = 0.04$ . Stehen den Füchsen 100 Hasen als Nahrung zur Verfügung, kann ihre Population am Tag 4% wachsen (dies ist unrealistisch, aber es ist ein sehr einfaches Modell). Die Differentialgleichungen lauten nun:

$$\dot{B} = r \cdot B - b \cdot B \cdot R \tag{6.1}$$

$$\dot{R} = b \cdot B \cdot R - s \cdot R$$

Simuliert man nun die Hasen- und Fuchszahl (Abbildung 6.2), so fällt folgendes auf: Beide Populationen oszillieren. Zuerst steigt die Zahl der Hasen. Dadurch steht den Füchsen mehr Nahrung zur Verfügung und ihre Zahl steigt kurz darauf ebenfalls. Dies reduziert die Zahl der Hasen wieder und den Füchsen steht wieder weniger Nahrung zur Verfügung usw..

### 6.1.1 Stationäre Zustände

Ähnlich wie beim eindimensionalen Modell kann man die stationären Zustände des Modells bestimmen. Hierzu werden beide Gleichungen gleich null gesetzt. Man erhält ein Gleichungssystem aus zwei Gleichungen mit zwei Unbekannten.

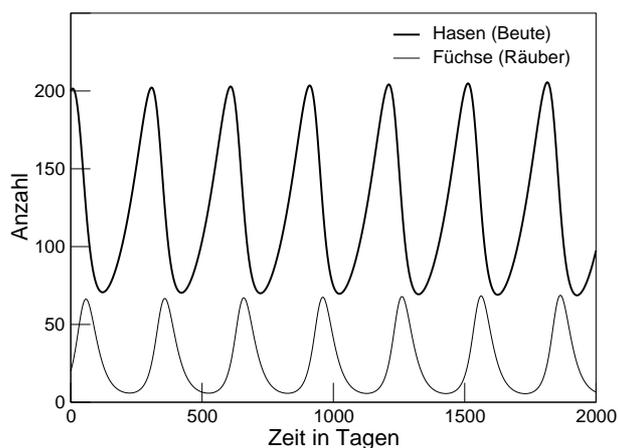


Abbildung 6.2: Lösungskurven des Räuber-Beute Systems.

$$\dot{B} = r \cdot B - b \cdot B \cdot R = 0 \quad (6.2)$$

$$\dot{R} = b \cdot B \cdot R - s \cdot R = 0$$

Eine Lösung (trivial) ist durch  $(B^*, R^*) = (0, 0)$  gegeben. Eine weitere Lösung ist durch

$$r - b \cdot R = 0$$

$$b \cdot B - s = 0$$

bestimmt, sie lautet  $(B^*, R^*) = (\frac{s}{b}, \frac{r}{b})$ . Wenn das System genau diesen Zustand hat, wird es sich nichts mehr ändern. Die Frage ist, wie sich kleine Störungen auswirken, d.h. wie stabil dieser Zustand ist.

### 6.1.2 Richtungsfeld

Für ein autonomes 2-dimensionales System kann man ebenfalls ein Richtungsfeld zeichnen. Man betrachte hierzu

$$\frac{dR}{dB} = \frac{\frac{dR}{dt}}{\frac{dB}{dt}}$$

d.h. die Änderung des Räubers nach der Beute. Im Falle des Lotka-Volterra-Modells gilt

$$\frac{dR}{dB} = \frac{b \cdot B \cdot R - s \cdot R}{r \cdot B - b \cdot B \cdot R}$$

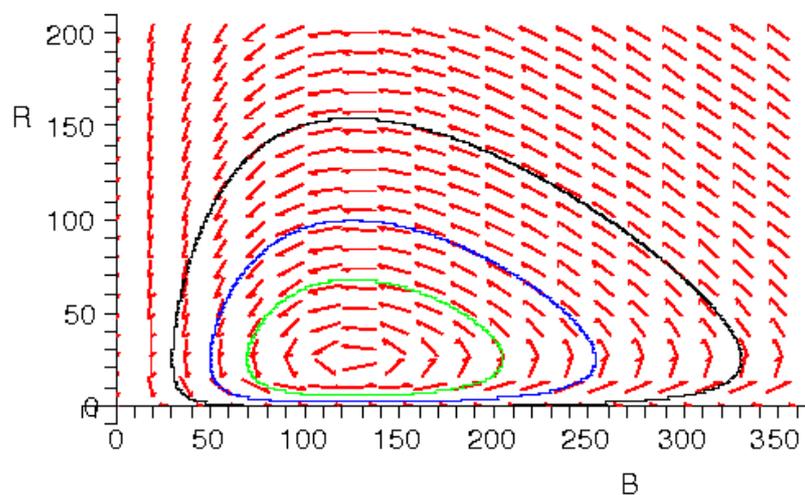


Abbildung 6.3: Richtungsfeld des Lotka-Volterra-Modells mit Lösungskurven zu verschiedenen Anfangswerten.

Die R-B-Ebene nennt man auch Zustandsraum oder Phasenraum des Systems, eine Lösungskurve auch Bahn oder Trajektorie<sup>1</sup>

### 6.1.3 Stabilität

Das Modell ist ein singuläres Modell, da der nicht-trivial stationäre Zustand stabil aber nicht asymptotisch stabil ist. Bei kleinen Veränderungen findet das Modell nicht in den ursprünglichen Zustand zurück.

Anmerkung: Will man das Modell in Form einer Differenzgleichung in der Schule verwenden, ist Vorsicht geboten. In diesem Fall (wie auch bei der Lösung mittels Euler-Verfahren) wird die Zahl der Hasen und Füchse immer stärker oszillieren.

Wie man die Stabilität nachweisen kann wird später gezeigt.

<sup>1</sup>Diese Bezeichnung ist etwas ungenau. Streng genommen ist die Trajektorie eine Abbildung der Zeit in den Zustandsraum, eine Lösung des Anfangswertproblem. Die Bahn ist das Bild, enthält also die Zeitinformation nicht mehr.

### 6.1.4 Modellverbesserungen

Dieses Modell kann natürlich verbessert werden. Folgende Verbesserungen fallen einem sofort ein:

- Die Hasen dürfen nicht unbegrenzt wachsen, wenn keine Füchse da sind. Es muss eine Maximalkapazität wie in Abschnitt 5.1 geben.
- Die Füchse müssen satt werden. Die Zunahme der Wachstumsrate der Füchse darf nicht linear von der Zahl der Hasen abhängen.
- Nur ein Teil der Hasen kann als Nahrung verwertet werden (Fell und Knochen werden ausgeschieden).

#### Maximalkapazität

Verbessern wir das Modell nun dahingehend, dass wir eine Maximalkapazität für Hasen berücksichtigen. In diesem Fall wird das Wachstum der Hasen durch Gleichung 3.10 beschrieben, und das vollständige Modell lautet:

$$\begin{aligned}\dot{B} &= r \cdot B \cdot \left(1 - \frac{B}{K}\right) - b \cdot B \cdot R \\ \dot{R} &= b \cdot B \cdot R - s \cdot R\end{aligned}\quad (6.3)$$

Die Modellergebnisse sind in Abbildung 6.4 für  $K = 250$  und  $K = 500$  dargestellt (andere Parameter wie bisher). Die Oszillationen sind nun mehr oder weniger stark gedämpft. Die Zahl der Hasen und Füchse strebt letztlich auf konstante Werte zu.

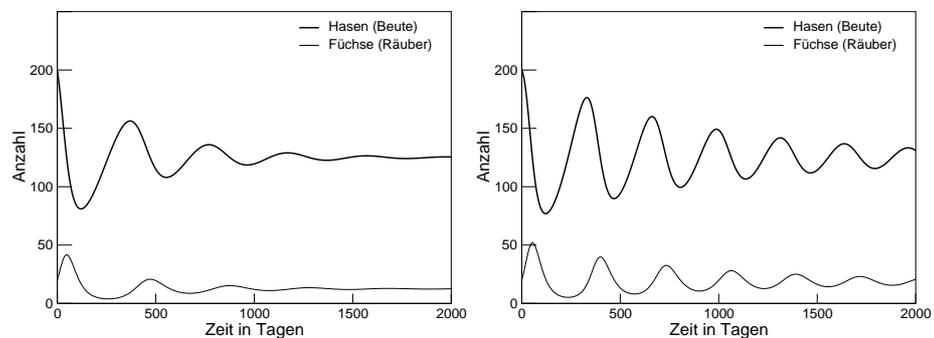


Abbildung 6.4: Lösungskurven des Räuber-Beute Systems mit einer Maximalkapazität für die Hasen (Beute) von  $K = 250$  (links) und  $K = 500$  (rechts).

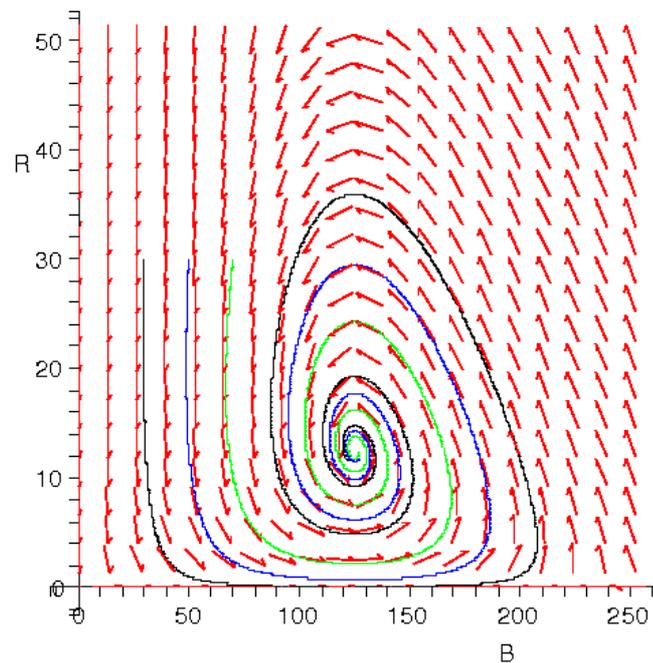


Abbildung 6.5: Richtungsfeld des verbesserten Lotka-Volterra-Modells mit einer Maximalkapazität für die Hasen ( $K = 250$ ) mit Lösungskurven zu verschiedenen Anfangswerten.

## Sättigung

Will man nun zusätzlich berücksichtigen, dass die Füchse satt werden, so muss man anstelle der monoton steigenden Fressrate  $b \cdot B$  eine Fressrate annehmen, die durch einen maximalen Wert begrenzt ist. Diese maximale Fressrate gibt an wieviel ein Fuchs pro Zeiteinheit maximal fressen kann. Dies ist u.a. von der sogenannten „handling time“ abhängig, der Zeitspanne, die ein Fuchst benötigt, die Nahrung aufzunehmen (den Hasen zu zerlegen). Ein weiterer Faktor ist die Stoffwechselgeschwindigkeit, d.h. wie schnell Biomasse aus der Nahrung aufgebaut werden kann. Die tatsächliche Fressrate soll vom Nahrungsangebot abhängen. Hierbei kann man davon ausgehen, dass die Rate anfangs mehr oder weniger linear ansteigt und sich dann dem Maximalwert nähert.

Hierzu geeignet ist eine Monod-Funktion oder auch Michalis-Menten-Kinetik:

$$w(B) = b \frac{MB}{B + M}$$

oder allgemeiner

$$w(B) = \mu \frac{B}{B+M}$$

Die erste Gleichung geht für  $M \rightarrow \infty$  in die alte Form über. In der zweiten Form ist der Bruch dimensionslos und  $\beta$  ist die maximale Wachstumsrate in 1/Zeiteinheit. Der Bruch geht für  $B \rightarrow \infty$  gegen 1.

Die Michaelis-Menten-Kinetik wird in vielen Modellen verwendet, z.B.

- Algenwachstum als Funktion der Nährstoffkonzentration (Monod-Modell)
- Alkoholabbau als Funktion der Blutalkoholkonzentration
- Aktenbearbeitung als Funktion der Aktenmenge

Eigenschaften

- nimmt bei  $M$  die Hälfte des Maximalwerts an.  $M$  heisst deshalb auch Halbsättigungskonstante
- die Tangente im Ursprung schneidet den Grenzwert  $\mu$  bei  $M$
- die Annäherung an den Grenzwert ist sehr langsam

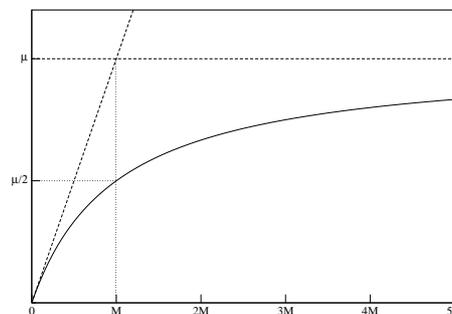


Abbildung 6.6: Graph der Monod-Funktion (Michaelis-Menten-Funktion) mit der Halbsättigungskonstanten  $M$  und dem Grenzwert  $\mu$ .

Man erhält hiermit folgendes allgemeinere Räuber-Beute-Modell

$$\begin{aligned} \dot{B} &= r \cdot B \cdot \left(1 - \frac{B}{K}\right) - b \frac{MB}{B+M} \cdot R \\ \dot{R} &= \eta \cdot b \frac{MB}{B+M} \cdot R - s \cdot R \end{aligned} \quad (6.4)$$

Der Effizienz-Parameter  $\eta$  gibt an, wieviel der aufgenommenen Nahrung tatsächlich in Biomasse umgesetzt werden (Knochen werden ausgespuckt). Ein Simulationsergebnis ist in Abbildung 6.7 gegeben. Man sieht, dass das System bei der gegebenen Parameterkonstellation einen Grenzkreis erreicht.

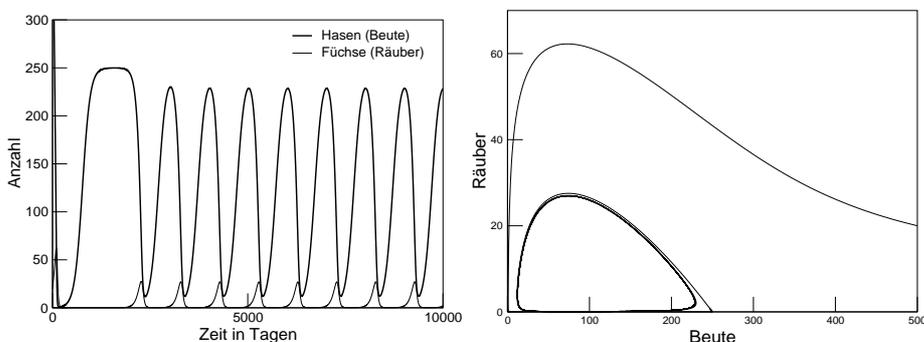


Abbildung 6.7: Simulationsergebnis für das allgemeine Räuber-Beute-Modell nach 6.4 mit den Parametern  $r = 0.05$ ,  $K = 250$ ,  $M = 30$ ,  $s = 0.05$ ,  $\eta = 0.7$ ,  $b = 0.00\bar{3}$ . Links ist das Zeitdiagramm, rechts das Phasendiagramm dargestellt. Für andere Parameterwerte kann sich das System völlig anders verhalten.

Das das System nun sehr viele Parameter enthält, ist es einfacher, mit der skalierten Form zu arbeiten (Herleitung siehe Skript von Ebenhöf).

### 6.1.5 Das skalierte allgemeine Räuber-Beute-Modell

In der skalierten Form erhält man folgende Gleichungen

$$\begin{aligned} \dot{B} &= (1 - \varepsilon B) \cdot B - \frac{R}{1 + \kappa B} \cdot B \\ \dot{R} &= \delta \frac{B}{1 + \kappa B} \cdot R - \delta R \end{aligned} \quad (6.5)$$

Das System hat nun die Parameter  $\varepsilon$ ,  $\kappa$  und  $\delta$ , für die angenommen wird, dass sie alle größer oder gleich null sind. Für  $\varepsilon = 0$  und  $\kappa = 0$  hat man wieder ein normales Lotka-Volterra-Modell.

Das System hat 3 stationäre Zustände

1.  $B^* = 0$  und  $R^* = 0$  (trivial)
2.  $B^* = \frac{1}{\varepsilon}$  und  $R^* = 0$  (Beute ohne Räuber, bei  $\varepsilon > 0$ )
3.  $B^* = \frac{1}{1 - \kappa}$  und  $R^* = \frac{1 - \kappa - \varepsilon}{(1 - \kappa)^2}$  (positiver stationärer Zustand)

Der positive stationäre Zustand existiert im Zustandsraum  $(B, R \geq 0)$ , wenn

$$\kappa + \varepsilon < 1$$

erfüllt ist. Für  $\kappa + \varepsilon = 1$  fällt der Zustand (3) mit Zustand (2) zusammen.

Das Verhalten des Systems für  $\delta = 1$ ,  $\kappa = 0.5$  und verschiedene  $\varepsilon$  ist in Abbildung 6.9 dargestellt.

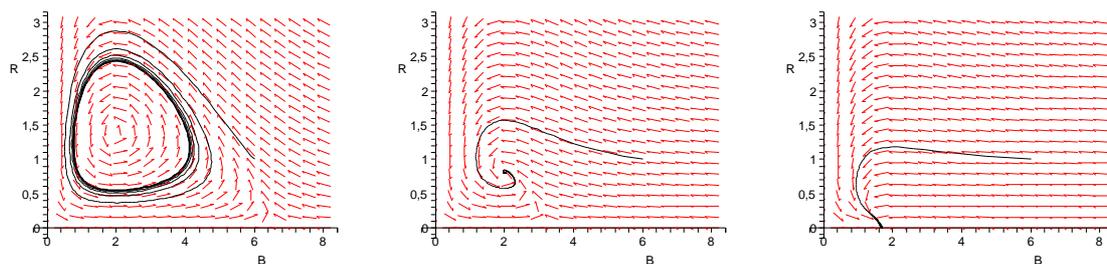


Abbildung 6.8: Phasendiagramm für das skalierte allgemeine Räuber-Beute-Modell nach 6.11 mit den Parametern  $\delta = 1$ ,  $\kappa = 0.5$  und  $\varepsilon = 0.15$  (links),  $\varepsilon = 0.3$  (Mitte) und  $\varepsilon = 0.6$  (rechts) und den Startwerten  $B_0 = 6$  und  $R_0 = 1$ .

Für  $\delta = 1$ ,  $\kappa = 0.5$  hat das System die stationären Zustände

| $\varepsilon$    | <b>0.15</b>      | <b>0.3</b>       | <b>0.6</b>       |
|------------------|------------------|------------------|------------------|
| $(B_1^*, R_1^*)$ | (0,0)            | (0,0)            | (0,0)            |
| $(B_2^*, R_2^*)$ | $(6.\bar{6}, 0)$ | $(3.\bar{3}, 0)$ | $(1.\bar{6}, 0)$ |
| $(B_3^*, R_3^*)$ | (2,1.4)          | (2,0.8)          | neg.             |

## 6.2 Verhalten 2-dimensionaler autonomer Systeme

### 6.2.1 Stationäre Zustände

Wie bereits gezeigt, erhält man im 2-dimensionalen Fall die stationären Zustände des (autonomen) Systems

$$\dot{X} = f(X, Y) \tag{6.6}$$

$$\dot{Y} = g(X, Y)$$

in dem

$$f(x, y) = 0 \tag{6.7}$$

$$g(x, y) = 0$$

gesetzt wird, und die Lösungen  $(X^*, Y^*)$  dieses Gleichungssystems bestimmt werden.

### 6.2.2 Geschlossene Bahnen

Im Gegensatz zu eindimensionalen Systemen können im zweidimensionalen Fall geschlossene Lösungsbahnen auftreten. Im Normalfall ist die geschlossene Bahn das Bild einer periodischen Lösung. Man nennt eine solche periodische Bahn **stabil**, wenn alle Bahnen, die in ihrer Nähe starten, zu dieser hinlaufen. Man nennt solche stabilen Bahnen auch **Grenzkreise**. Periodische Bahnen können auch instabil sein.

### 6.2.3 Satz von Poincare

Bei autonomen Systemen mit zwei Zustandsvariablen läuft jede Bahn entweder

- auf einen stationären Zustand zu, oder
- nähert sich einer geschlossenen Kurve an, oder
- läuft nach unendlich

### 6.2.4 Teilgleichgewichte

Wir betrachten das System aus Gleichung C.1. Zuerst wollen wir einen Überblick über das Lösungsverhalten gewinnen. Hierzu betrachten wird die Menge aller Punkte für die  $\dot{X} = 0$  bzw.  $\dot{Y} = 0$  gilt:

$$\text{Teilgleichgewicht von X} = \{\dot{X} = 0\} = \{(X, Y) | f(X, Y) = 0\}$$

Das Teilgleichgewicht von X trennt die Bereiche des Zustandsraums, in denen die Bewegung nach rechts bzw. links erfolgt. Analog gilt

$$\text{Teilgleichgewicht von Y} = \{\dot{Y} = 0\} = \{(X, Y) | g(X, Y) = 0\}$$

Das Teilgleichgewicht von X trennt die Bereiche des Zustandsraums, in denen die Bewegung nach oben bzw. unten erfolgt.

Die Schnittpunkte der Teilgleichgewichte sind gerade die stationären Zustände.

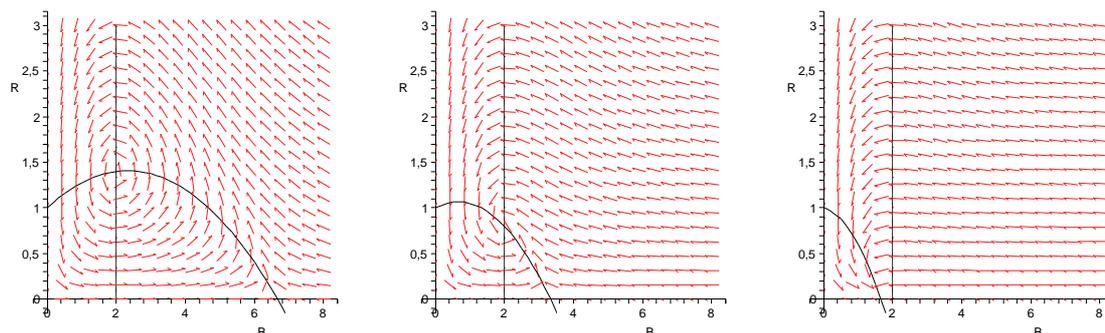


Abbildung 6.9: Teilgleichgewichte für das skalierte allgemeine Räuber-Beute-Modell nach 6.11 mit den Parametern  $\delta = 1$ ,  $\kappa = 0.5$  und  $\varepsilon = 0.15$  (links),  $\varepsilon = 0.3$  (Mitte) und  $\varepsilon = 0.6$  (rechts). Die senkrechte Linie zeigt das Teilgleichgewicht  $\{\dot{R} = 0\}$ , die Parabel zeigt das Teilgleichgewicht  $\{\dot{B} = 0\}$ .

### 6.2.5 Stabilität stationärer Zustände

Die Stabilität eines stationären Zustands kann wie im eindimensionalen Fall untersucht werden. Man betrachtet hierzu das System als Vektor

$$\begin{pmatrix} \dot{X} \\ \dot{Y} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f(X, Y) \\ g(X, Y) \end{pmatrix} \quad (6.8)$$

Analog zum eindimensionalen Fall entwickelt man die rechte Seite des Differentialgleichungssystems am stationären Zustand  $(X^*, Y^*)$  nach Taylor bis zum ersten Glied und erhält so das linearisierte System (ist für jeden stationären Zustand unterschiedlich!!):

$$\begin{pmatrix} \dot{x} \\ \dot{y} \end{pmatrix} = J(X^*, Y^*) \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \quad (6.9)$$

Die Matrix  $J$  ist die Jacobi-Matrix:

$$J(X^*, Y^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f(X^*, Y^*)}{\partial X} & \frac{\partial f(X^*, Y^*)}{\partial Y} \\ \frac{\partial g(X^*, Y^*)}{\partial X} & \frac{\partial g(X^*, Y^*)}{\partial Y} \end{pmatrix} \quad (6.10)$$

Das linearisierte System ist am stationären Zustand  $(X^*, Y^*)$  entwickelt und gibt die Abweichung (Störung) von diesem an. Zu linearen Abbildungen, Eigenwerten etc. siehe Anhang B.

Hat die Matrix  $J$  zwei verschiedene Eigenwerte  $\lambda_1$  und  $\lambda_2$ , so kann man eine allge-

meine Lösung des linearen Systems C.4 angeben:

$$\vec{z}(t) = C_1 \cdot e^{\lambda_1 t} \cdot \vec{v}_1 + C_2 \cdot e^{\lambda_2 t} \cdot \vec{v}_2$$

Hierbei ist  $\vec{v}_1$  Eigenvektor zum Eigenwert  $\lambda_1$  und  $\vec{v}_2$  Eigenvektor zum Eigenwert  $\lambda_2$ ,  $C_1$  und  $C_2$  sind freie Konstanten.

Sind beide Eigenwerte reell so handelt es sich bei den Summanden entweder um exponentielles Wachstum oder exponentiellen Zerfall. Ist also einer der Eigenwerte größer null, wächst die Störung, der Zustand ist instabil. Sind beide Eigenwerte negativ, so verschwindet eine anfängliche Störung, der Zustand ist stabil.

Für einen komplexen Eigenwert  $\lambda = a + ib$  gilt

$$e^{\lambda t} = e^{(a+ib)t} = e^{at} \cdot e^{ibt} = e^{at} \cdot (\cos bt + i \sin bt)$$

Das System vollzieht also Schwingungen. Ist der Realteil  $a$  kleiner null, so verschwindet die Störung, ist der Realteil  $a$  größer null, so explodieren Störungen. Bei  $a = 0$  bleiben Störungen erhalten. Über die Stabilität des Ursprungssystems kann dann nicht entschieden werden.

Bezüglich der Stabilität des Systems C.1 gilt der folgende Satz:

**Satz 6.2.1** Stabilität von stationären Zuständen autonomer Systeme

1. Der stationäre Zustand  $(X^*, Y^*)$  von C.1 ist asymptotisch stabil, falls alle Eigenwerte von 6.10 negative Realteile besitzen.
2. Der stationäre Zustand  $(X^*, Y^*)$  ist instabil, falls mindestens ein Eigenwert von 6.10 einen positiven Realteil besitzt.
3. Sind alle Realteile aller Eigenwerte von 6.10 kleiner oder gleich null und mindestens ein Realteil gleich null, so kann nicht über die Stabilität des stationären Zustands  $(X^*, Y^*)$  entschieden werden.

Die Eigenwerte der Jacobimatrix  $J := J(X^*, Y^*)$  sind durch

$$\lambda_{1,2} = \frac{\text{spur } J}{2} \pm \sqrt{\frac{(\text{spur } J)^2}{4} - \det J}$$

gegeben. Für die Stabilität des Zustands  $(X^*, Y^*)$  gilt:

| spur $J$     | det $J$        | Stabilität                 |
|--------------|----------------|----------------------------|
| spur $J < 0$ | det $J > 0$    | stabil                     |
| spur $J > 0$ | beliebig       | instabil                   |
| beliebig     | det $J < 0$    | instabil                   |
| spur $J = 0$ | det $J \geq 0$ | keine Entscheidung möglich |
| spur $< 0$   | det $J = 0$    | keine Entscheidung möglich |

### 6.2.6 Stabilität im Beispielsystem

Das skalierte allgemeine Räuber-Beute-System

$$\begin{aligned}\dot{B} &= (1 - \varepsilon B) \cdot B - \frac{R}{1 + \kappa B} \cdot B \\ \dot{R} &= \delta \frac{B}{1 + \kappa B} \cdot R - \delta R\end{aligned}\quad (6.11)$$

hat die drei stationären Zustände

1.  $(B^*, R^*) = (0, 0)$  (trivial)
2.  $(B^*, R^*) = (\frac{1}{\varepsilon}, 0)$  (Beute ohne Räuber, bei  $\varepsilon > 0$ )
3.  $(B^*, R^*) = (\frac{1}{1 - \kappa}, \frac{1 - (\kappa + \varepsilon)}{(1 - \kappa)^2})$  (positiver stationärer Zustand)

Der positive stationäre Zustand existiert im Zustandsraum  $(B, R \geq 0)$ , wenn

$$\kappa + \varepsilon < 1$$

erfüllt ist. Für  $\kappa + \varepsilon = 1$  fällt der Zustand (3) mit Zustand (2) zusammen.

Die Jacobi-Matrix des System ist durch

$$J(B, R) = \begin{bmatrix} 1 - 2\varepsilon B - \frac{R}{(1 + \kappa B)^2} & -\frac{B}{1 + \kappa B} \\ \delta \frac{R}{(1 + \kappa B)^2} & \delta \left( \frac{B}{1 + \kappa B} - 1 \right) \end{bmatrix}\quad (6.12)$$

**Stabilität von  $(B_1^*, R_1^*) = (0, 0)$**

Für  $(B_1^*, R_1^*) = (0, 0)$  erhält man

$$J(B_1^*, R_1^*) = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -\delta \end{bmatrix}\quad (6.13)$$

Damit gilt  $\det J < 0$ , der Zustand ist instabil.

### Stabilität von $(B_2^*, R_2^*) = (\frac{1}{\varepsilon}, 0)$ (Beute ohne Räuber)

Für  $(B_2^*, R_2^*) = (\frac{1}{\varepsilon}, 0)$  erhält man

$$J(B_2^*, R_2^*) = \begin{bmatrix} -1 & -\frac{1}{\kappa + \varepsilon} \\ 0 & \delta \left( \frac{1}{\kappa + \varepsilon} - 1 \right) \end{bmatrix} \quad (6.14)$$

Es gilt

$$\det J = \delta \left( 1 - \frac{1}{\kappa + \varepsilon} \right)$$

1. Fall  $\kappa + \varepsilon < 1$  (der dritte Zustand existiert):

$\det J < 0$ , der Zustand 2 ist instabil.

2. Fall  $\kappa + \varepsilon > 1$  (der dritte Zustand existiert nicht):

$\det J > 0$  und  $\text{spur } J = -1 + \delta \left( \frac{1}{\kappa + \varepsilon} - 1 \right) < 0$ , der Zustand 2 ist stabil.

3. Fall  $\kappa + \varepsilon = 1$  (der zweite und dritte Zustand fallen zusammen):  $\det J = 0$  keine Entscheidung über die Stabilität des Zustands 2 möglich.

### Stabilität von $(B_3^*, R_3^*) = \left( \frac{1}{1 - \kappa}, \frac{1 - (\kappa + \varepsilon)}{(1 - \kappa)^2} \right)$

Der Zustand 3 existiert für  $\kappa + \varepsilon < 1$ . Für die Jacobimatrix erhält man

$$J(B_3^*, R_3^*) = \begin{bmatrix} -\varepsilon \frac{1 + \kappa}{1 - \kappa} + \kappa & -1 \\ \delta(1 - (\kappa + \varepsilon)) & 0 \end{bmatrix} \quad (6.15)$$

Es gilt

$$\det J = \delta(1 - (\kappa + \varepsilon)) > 0 \quad (\kappa + \varepsilon < 1)$$

und

$$\text{spur } J = -\varepsilon \frac{1 + \kappa}{1 - \kappa} + \kappa$$

Der Zustand 3 ist also stabil, wenn die Spur negativ ist, also für

$$-\varepsilon \frac{1 + \kappa}{1 - \kappa} + \kappa < 0$$

Dies gilt für

$$\varepsilon > \kappa \frac{1 - \kappa}{1 + \kappa} =: \varepsilon_{krit}(\kappa)$$

### 6.3 Der Modell-Trinker (von W. Ebenhöf)

Der Zeitnullpunkt sei abends, 21 Uhr. Ein Mensch (Versuchsperson) trinkt in zwei Stunden eine Flasche Wein (Literflasche) und geht danach schlafen. Wir konstruieren ein einfaches Modell des Trinkers mit zwei hintereinandergeschalteten Teilsystemen mit jeweils Zufluss und Abfluss:



Der Alkohol gelangt zunächst in den Magen-Darm-Trakt, von dort wird er resorbiert und im Blut und der gesamten Körperflüssigkeit verteilt. Die Leber baut ihn langsam ab. Das Modellsystem hat zwei Zustandsvariable (beide in g Alkohol):

M Menge Alkohol im Magen-Darm-Trakt

B Menge Alkohol im Blut und in der Körperflüssigkeit

Die Zeitentwicklung dieser Zustandsvariablen wird durch Differentialgleichungen (den Modellgleichungen, top level) beschrieben:

$$\dot{M} = \text{Trinken} - \text{Aufnahme}$$

$$\dot{B} = \text{Aufnahme} - \text{Abbau}$$

Die drei Prozesse werden einzeln diskutiert. Die drei Flüsse haben die Einheiten Gramm pro Stunde ( $g/h$ ).

#### Trinken:

Wein enthält etwa 10% Alkohol, was 100 g Alkohol entspricht (Dies gilt für 10 Grammprozent, meistens ist jedoch auf den Flaschen Volumenprozent angegeben!!). Die Versuchsperson nimmt also 100 g Alkohol in 2 Stunden ( $T = 2h$ ) auf und trinkt danach nichts mehr. Der Prozess Trinken ist also zeitabhängig, aber in diesem Rahmen nicht zustandsabhängig:

$$\text{Trinken}(t) = \lambda \cdot (t \leq T) := \begin{cases} \lambda & 0 \leq t \leq T \\ 0 & t > T \end{cases}$$

Der Faktor ( $t \leq T$ ) ist als logische Variable zu verstehen, ihr Wert ist 1, wenn die Bedingung erfüllt ist und 0 sonst. Werden in 2 Stunden 100 g Alkohol aufgenommen, so beträgt die Aufnahme rate  $\lambda = 50\text{g/h}$ .

### Aufnahme:

Der Alkohol geht relativ schnell in Blut und Körperflüssigkeit über. Nach einer halben Stunde sei die Hälfte des Alkohols im Blut (Halbwertszeit  $T_H = 0.5\text{ h}$ ). Wir nehmen an, dass die Resorption ein Einbahnstraßenprozess ist. Dann hängt der Fluss von  $M$  nach  $B$  nur von der Menge  $M$  ab:

$$\text{Aufnahme}(M) = r \cdot M$$

Die Aufnahme rate  $r$  beträgt dann  $r = \frac{\ln 2}{T_H}$ .

### Abbau:

Der Abbau des Alkohols durch die Leber ist ein komplexer Prozess. Wir machen den Ansatz, dass die Abbaurate über eine Monod-Funktion von der Alkohol-Konzentration  $C$  (in ‰) im Blut abhängt. Die Michaeliskonstante  $K$  ist niedrig, das bedeutet, dass auch bei kleinen Konzentrationen die Leber nahezu auf Volllast arbeitet.

$$\text{Abbau}(C) = \mu \frac{C}{C + K}$$

Die Konzentration  $C$  gewinnen wir aus der Menge  $B$  im Körper, indem wir sie durch die Menge Körperflüssigkeit teilen. Diese beträgt in etwa  $2/3$  des Körpergewichts  $G$  (in kg).

Der Quotient

$$C = \frac{B}{2/3G}$$

hat somit die Einheit  $\text{g/kg} = 1/1000$ , was Promille entspricht.

Es müssen noch die Parameter  $\mu$  (maximale Abbaurate in  $\text{g/h}$ ) und  $K$  (Michaeliskonstante in ‰) geschätzt werden. Wenn es etwa 10 h dauert, bis die Versuchsperson wieder vollkommen nüchtern ist, muss die Leber 10 g Alkohol pro Stunde abbauen. Eine merkliche Verlangsamung dieser Rate soll erst bei sehr niedrigen Blutalkoholwerten eintreten, also wird  $K$  kaum über  $0.1\text{‰}$  liegen. Wir nehmen also an, dass  $\mu = 10\text{g/h}$ ,  $K = 0.1\text{‰}$  und  $G = 70\text{kg}$  gilt.

Man erhält also folgendes System:

$$\begin{aligned} \dot{M} &= \lambda \cdot (t \leq T) - r \cdot M \\ \dot{B} &= r \cdot M - \mu \frac{\frac{B}{2/3G}}{\frac{B}{2/3G} + K} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} T &= 2h & T_H &= 0.5h & \mu &= 10g/h \\ K &= 0.1\text{‰} & r &= \ln 2 / t_h & G &= 70kg \end{aligned}$$

Die beiden Gleichungen sind in dem Sinne entkoppelt, dass die erste von beiden allein gelöst und das Ergebnis für die Lösung der zweiten Gleichung verwendet werden kann. Streng genommen handelt es sich bei der ersten nicht um eine DGL, da der erste Term einen Knick verursacht und somit die Differenzierbarkeit an dieser Stelle nicht gegeben ist. Die meisten Lösungsverfahren verschmerzen dies. Man kann das System aber auch gleich als Differenzgleichungssystem behandeln, muss dann aber einen Zeitschritt von ca. 0.1 h zugrunde legen.

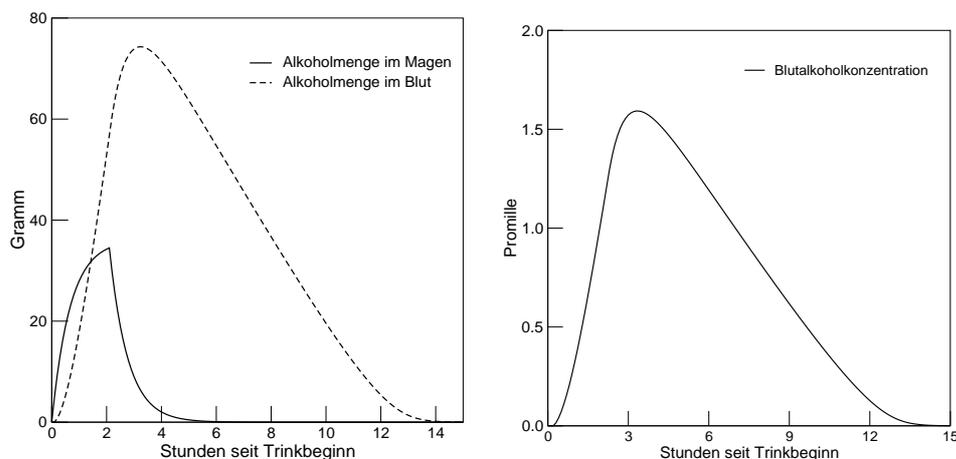


Abbildung 6.10: Zeitliche Entwicklung der Alkoholmengen in Magen-Darm-Trakt und in der Körperflüssigkeit (links) und der Entwicklung des Promillegehalts im Blut (rechts) nach einer Zufuhr von 100 g Alkohol über einen Zeitraum von zwei Stunden.

## 7 Fraktale

### 7.1 Fraktale und fraktale Dimension

Betrachten wir folgende Vorschrift: Wir nehmen das Intervall  $[0, 1]$  und schneiden im ersten Schritt das mittlere Drittel also das Intervall  $[\frac{1}{3}, \frac{2}{3}[$  heraus. Übrig bleiben die Intervalle  $[0, \frac{1}{3}[$  und  $[\frac{2}{3}, 1]$ . Mit diesen Intervallen Verfahren wir genauso. Aus jedem der beiden Intervalle wird jeweils wieder das mittlere Drittel herausgeschnitten usw. (siehe Abbildung 7.1).



Abbildung 7.1: Die Cantor-Menge entsteht indem man in jedem Intervall das mittlere Drittel wegstreicht.

Die Frage ist, was übrig bleibt, wenn man dieses Verfahren unendlich oft anwendet. Das Bild, das dabei entsteht nennt man auch Limesbild (von Limes: Grenzwert). Obwohl jedes einzelne Objekt eine Strecke ist, besteht das Limesbild aus isolierten Punkten. Limesbilder können also ganz andere Eigenschaften haben als die Objekte, die zu ihrer Entstehung führen:

Betrachten wir hierzu ein Quadrat der Kantenlänge 1. Wir schneiden nun sukzessive Quadrate heraus, so dass eine Treppe entsteht (Abbildung 7.2): Bestimmt man die Treppenlänge (von der oberen linken zur unteren rechten Ecke) so beträgt die Länge in jedem Schritt 2. Je öfter man das Verfahren wiederholt, umso mehr nähert sich die Treppe der Diagonalen (Limesbild). Die Diagonale hat aber die Länge  $\sqrt{2}$ .



Abbildung 7.2: Die Treppenlänge beträgt für jeden Schritt 2. Die Diagonale als Limesbild hat die Länge  $\sqrt{2}$ .

Betrachten wir noch einmal die Cantor-Menge. Jedes Intervall, das entsteht, sieht, bis auf einen Skalierungsfaktor, aus wie das Original. Die Cantor-Menge ist selbstähnlich.

**Definition 7.1.1** Eine Figur wird **selbstähnlich** genannt, wenn Teile der Figur kleine Kopien der ganzen Figur sind.

Ein weiteres Beispiel für eine selbstähnliche Figur ist die Koch'sche Kurve, auch Schneeflockenkurve genannt. Sie entsteht aus einem gleichseitigen Dreieck, bei dem man auf das mittlere Drittel jeder Seite ein weiteres Dreieck aufsetzt und die überschüssigen Linien wegstreicht (siehe 7.3).

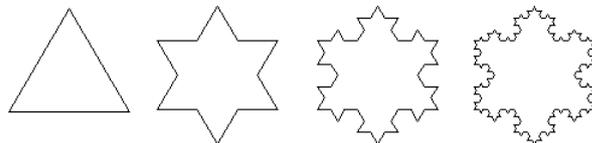


Abbildung 7.3: Die Schneeflockenkurve entsteht indem auf jede Seite eines gleichseitigen Dreiecks in der Mitte ein gleichseitiges Dreieck mit einem Drittel der ursprünglichen Seitenlänge aufgesetzt wird.

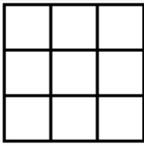
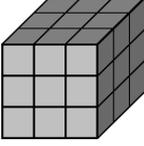
Betrachtet man eine Seite des Dreiecks und setzt die erste Seitenlänge gleich eins, so verlängert sich die Seitenlänge in jedem Schritt um ein Drittel. Letztlich wird die Seite und damit die gesamte Kurve unendlich lang.

Um dieses etwas besser zu verstehen betrachten wir zunächst die für uns vertrauten Objekte Strecke, Quadrat und Würfel.

Bei einer Strecke, die in drei gleiche Teile eingeteilt wird beträgt die Länge jeder einzelnen Strecke ein Drittel der Ursprungslänge, logisch.

Teilt man die Seiten eines Quadrats in drei gleiche Teile, so entstehen insgesamt 9 Quadrate, von denen jedes eine Fläche hat, die einem Neuntel der Ursprungsfläche entspricht.

Teilt man die Kanten eines Würfels in drei gleiche Teile, so entstehen insgesamt 27 Würfel, von denen jeder ein Volumen hat, das einem Siebenundzwanzigstel des Ursprungsvolumen entspricht. Wir erhalten folgende Tabelle:

| Objekt  | Skalierungsfaktor $s$ | Anzahl $N$ | Beziehung  |
|---|-----------------------|------------|------------|
|  | 3                     | 3          | $3^1 = 3$  |
|  | 3                     | 9          | $3^2 = 9$  |
|  | 3                     | 27         | $3^3 = 27$ |

Man erhält die Beziehung

$$s^D = N, \text{ oder } D = \frac{\log N}{\log s}$$

wobei  $D$  die Dimension des Objektes ist.

Führt man dasselbe Verfahren für die Cantor-Menge und die Schneeflockenkurve durch, so erhält man:

| Objekt  | Skalierungsfaktor $s$ | Anzahl $N$ | Beziehung |
|---|-----------------------|------------|-----------|
|  | 3                     | 2          | $3^x = 2$ |
|  | 3                     | 4          | $3^x = 4$ |

Bestimmt man jeweils den unbekanntem Exponenten  $x$ , so erhält man für die Cantormenge den Wert  $x = \frac{\log 2}{\log 3} = 0,631$ , für die Schneeflockenkurve  $x = \frac{\log 4}{\log 3} = 1,262$ . Nach obigen Überlegungen handelt es sich bei diesen Werten um die Dimension der Objekte. Man erhält einen Dimensionbegriff, bei dem auch nicht-ganzzahlige Werte zugelassen sind, die fraktale Dimension:

Fraktale Dimension der Cantor-Menge:  $D \approx 0,631$

Fraktale Dimension der Schneeflockenkurve:  $\approx 1,262$

Die bisherigen Überlegungen passen damit gut zusammen. Die Cantormenge, deren Limesbild aus isolierten Punkten und nicht mehr aus Strecken besteht, hat eine Dimension zwischen Punkt ( $D=0$ ) und Strecke ( $D=1$ ), die Schneeflockenkurve, deren Länge unendlich ist, hat eine Dimension zwischen Strecke ( $D=1$ ) und Fläche ( $D=2$ ).

Ein weiteres bekanntes Fraktal ist das Sierpinski-Dreieck<sup>1</sup>. Es entsteht aus einem gleichseitigen Dreieck, aus dem man sukzessive Dreiecke entfernt (Abbildung 7.4).



Abbildung 7.4: Sierpinski-Dreieck.

Beim Sierpinski-Dreieck wird bei einer Verdopplung der linearen Ausdehnung (der Seitenlänge), also einem Skalierungsfaktor von  $s=2$ , eine Verdreifung des Ausgangsbildes erreicht, also  $N=3$ . damit hat das Sierpinski-Dreieck die faktale Dimension  $D = \frac{\log 3}{\log 2} \approx 1,585$ . Die Dimension liegt also zwischen der einer Strecke und der einer Fläche.

## 7.2 Das Chaos-Spiel

### 7.2.1 Cantor Menge

Man kann selbstähnliche Fraktale auch über ein Chaos-Spiel erreichen. Es sei die Strecke  $\overline{AB}$  gegeben. Ein Floh hüpfte auf dieser Strecke nach folgenden Regeln umher: Er startet in der Mitte (oder bei  $\frac{2}{3}$ ) und wirft eine Münze. Bei Kopf springt er in Richtung A und zwar genau  $\frac{2}{3}$  der Entfernung bis A, Bei Zahl springt er in Richtung B und zwar genau  $\frac{2}{3}$  der Entfernung bis B. Diese Regel wird beliebig oft wiederholt. Wählt man  $A=0$  und  $B=1$ , erhält man folgendes Schema:

$$\text{Kopf: } x_{\text{neu}} = x_{\text{alt}} - \frac{2}{3} \cdot x_{\text{alt}} = \frac{1}{3} \cdot x_{\text{alt}}$$

$$\text{Zahl: } x_{\text{neu}} = x_{\text{alt}} + \frac{2}{3} \cdot (1 - x_{\text{alt}}) = \frac{2}{3} + \frac{1}{3} \cdot x_{\text{alt}}$$

Stellt man diese Folge graphisch dar, so entsteht nach und nach die Cantor-Menge. Ein Programm hierzu ist in 7.6 angegeben.

Startet der Floh auf einem Punkt der Cantor-Menge, z.B.  $x_0 = \frac{2}{3}$ , so ergibt sich folgende Folge, für die Münzwürfe KZK...

<sup>1</sup>Waclaw Sierpinski (1882-1969)

$$\begin{aligned}
 x_0 &= \frac{2}{3} \\
 x_1 &= \frac{1}{3} \cdot x_0 = \frac{1}{3} \cdot \frac{2}{3} = \frac{2}{9} \\
 x_2 &= \frac{2}{3} + \frac{1}{3} \cdot x_1 = \frac{2}{3} + \frac{1}{3} \cdot \frac{2}{9} = \frac{20}{27} \\
 x_3 &= \frac{1}{3} \cdot \frac{20}{27} = \frac{20}{81} \\
 &\dots
 \end{aligned}$$

### 7.2.2 Sierpinski Dreick

Ein Archäologe hat ein dreieckiges Gebiet abgesteckt, in dem er Dino-Knochen vermutet. Da er keine Ahnung hat wo, fängt er an einem beliebigen Ort im Dreieck an zu graben. Den nächsten Ort wählt er aus, indem er zuerst eine Ecke auswählt und dann den Mittelpunkt zwischen dieser Ecke und seiner aktuellen Position als neuen Grabungsort bestimmt. Trägt man die Grabungsorte auf, so entsteht nach und nach das Sierpinski-Dreieck. Ein Programm hierzu ist in 7.6 angegeben.

### 7.2.3 Der Farn

Zur Erzeugung des Farns wird ausgehend von einem Startpunkt  $(x_0, y_0)$  eine von vier affinen Abbildung ausgewählt, die auf den Punkt losgelassen wird. In jedem Schritt wird zufällig eine der vier Abbildungen ausgewählt. Um ein gleichmäßiges Bild zu erhalten, wird eine Abbildung umso häufiger ausgewählt, je größer ihr Bild (ihre Determinante) ist, das sie erzeugt. Die Abbildungen:

$$\begin{pmatrix} x_{neu} \\ y_{neu} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,85 & 0,04 \\ -0,04 & 0,85 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_{alt} \\ y_{alt} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 \\ 1,6 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x_{neu} \\ y_{neu} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,2 & -0,26 \\ 0,23 & 0,22 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_{alt} \\ y_{alt} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 \\ 1,6 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x_{neu} \\ y_{neu} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -0,15 & 0,28 \\ 0,26 & 0,24 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_{alt} \\ y_{alt} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 \\ 0,44 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} x_{neu} \\ y_{neu} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & 0,16 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_{alt} \\ y_{alt} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Dieses Verfahren zur Erzeugung selbstähnlicher Abbildungen nennt man iteriertes Funktionensystem (IFS). Ein Programm hierzu ist in 7.6 angegeben.

### 7.3 Mehrfach-Verkleinerungs-Kopierer, MRCM

Man kann selbstähnliche Fraktale auch mit einem gedachten Mehrfach-Verkleinerungs-Kopierer (Multiple Reduction Copy Machine, MRCM) erzeugen. Denken wir uns einen Kopierer, der das Original verkleinert und es dann dreimal auf die Kopie bringt, wobei die verkleinerten Bilder im Dreieck angeordnet werden (Abbildung 7.5). Nimmt man die entstandene Kopie als neue Vorlage und wiederholt dieses Verfahren, so erscheint wieder das Sierpinski-Dreieck, unabhängig davon, was für ein Bild ursprünglich auf dem Original war.

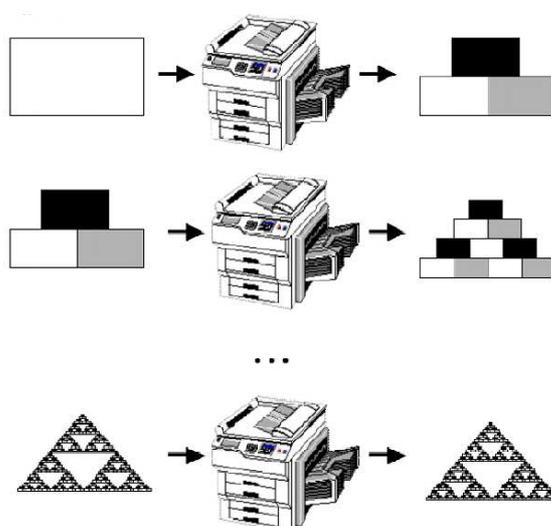


Abbildung 7.5: Entstehung des Sierpinski-Dreiecks mit dem Mehrfach-Verkleinerungs-Kopierer .

Stellt man sich nun einen Kopierer vor, der aus einem Quadrat in der ersten Stufe das Bild in Abbildung 7.6, links, erzeugt so entsteht bei wiederholter Anwendung das Bild in Abbildung 7.6, rechts.

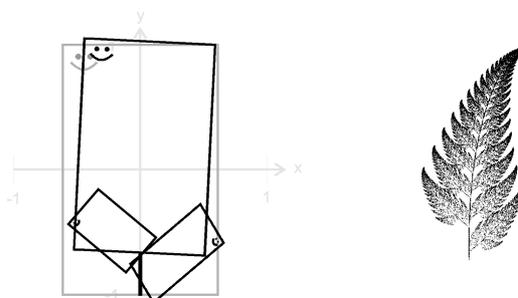


Abbildung 7.6: Entstehung des Farns. Die Vorschrift des Kopierers (links) und das Limesbild (rechts).

## 7.4 Die Mandelbrot-Menge

Die Mandelbrot-Menge ist nach Benoit B. Mandelbrot (\*1924) benannt und wird manchmal auch als Apfelmännchen bezeichnet. Sie ist eine Teilmenge der komplexen Ebene  $\mathbb{C}$ . Die komplexe Ebene besteht aus komplexen Zahlen  $z$ , die sich aus einem Realteil  $a$  und einem Imaginärteil  $b$  zusammensetzen:

$$z = a + i \cdot b \quad \text{mit} \quad i = \sqrt{-1}$$

Der Betrag einer komplexen Zahl beträgt  $|z| = \sqrt{a^2 + b^2}$

Die Mandelbrot-Menge ist wie folgt definiert:

$$M = \{c \in \mathbb{C} \mid (z_n) \text{ bleibt beschränkt, } z_{n+1} = z_n^2 + c, z_0 = c\}$$

Praktisch kann man die Beschränktheit bestimmen, indem man für jeden Punkt der Ebene nachschaut, ob die Werte der Iteration den Kreis um Null mit dem Radius 2 nach einer bestimmten Zeit verlassen.

Hierzu bestimmt man den Abstand der komplexen Zahl vom Ursprung und überprüft, ob dieser kleiner als zwei ist:  $|z_n - 0| < 2$ .

Nach einer bestimmten Zeit bedeutet hierbei, dass man eine Anzahl an Iterationsschritten vorgibt. Bleiben alle Werte der Iteration innerhalb des Kreises, so zählt man den Ausgangspunkt zur Menge. Je größer man die Anzahl wählt, desto genauer kann man die Menge bestimmen.

Ein Bild der Mandelbrot-Menge ist in Abbildung 7.7 gegeben. Ein Programm hierzu findet sich in 7.6. Die hübschen Farben, die man auf anderen Bildern häufig sieht ergeben sich, wenn man die Punkte, für die die Iteration nicht beschränkt ist (weiss in Abbildung 7.7), je nach Divergenzgeschwindigkeit unterschiedlich einfärbt.

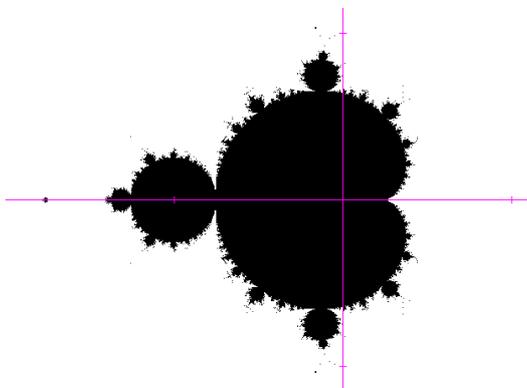


Abbildung 7.7: Mandelbrot-Menge.

Eng verwandt mit der Mandelbrot-Menge sind die Julia-Mengen. Die Julia-Menge ist nach Gaston M. Julia (1893-1978) benannt. Die Julia-Menge zu einem Punkt  $c$  ist eine Teilmenge der komplexen Ebene, die durch

$$J_c = \{z \in \mathbb{C} \mid (z_n) \text{ bleibt beschränkt, } z_{n+1} = z_n^2 + c, z_0 = z\}$$

definiert ist.

Der Unterschied zur Mandelbrot-Menge besteht darin, dass ein Punkt  $c$  vorgegeben wird und für jeden Punkt  $z$  der Ebene nachgeschaut wird, ob die Iterationsfolge beschränkt bleibt. Man erhält also für jedes  $c$  eine Julia-Menge. Interessanterweise sind die Julia-Mengen, deren  $c$ -Werte der Mandelbrot-Menge angehören, zusammenhängende Mengen. Die Julia-Mengen, deren  $c$ -Werte ausserhalb der Mandelbrot-Menge liegen, bestehen aus isolierten Punkten. Unter diesem Aspekt kann man die Mandelbrot-Menge als Inhaltsverzeichnis der Julia-Mengen auffassen.

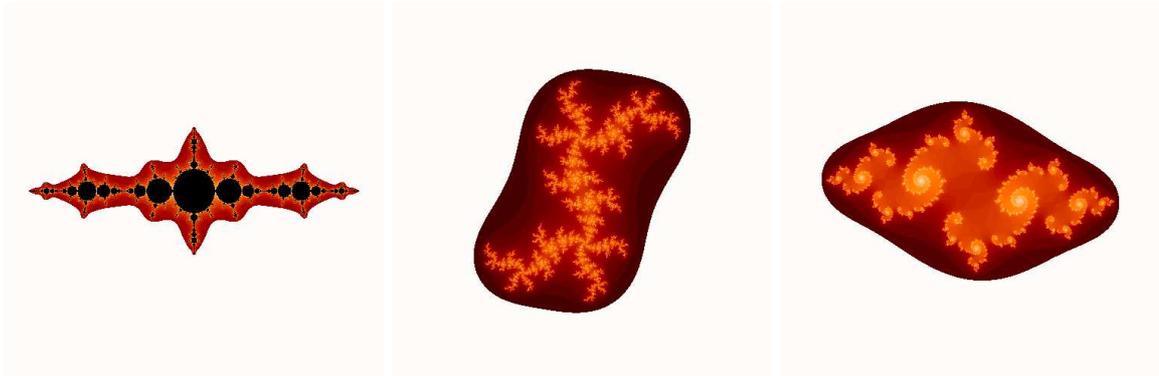


Abbildung 7.8: Julia-Mengen zu den Punkten  $c=1,28$  (links)  $c=0,334 - 0,528 i$  (Mitte) und  $c=-0,776 + 0,216 i$  (rechts).

## 7.5 Anwendungen

Auf den ersten Blick erscheinen Fraktale als ganz hübsch, aber nicht sonderlich nützlich. In den letzten Jahren hat es aber eine ganze Reihe von praktischen Anwendungen gegeben:

- Die Küstenlänge von England hat die Dimension  $D \approx 1,23$ .
- Misst man den Stoffwechsel (metabolische Rate)  $S$  von Lebewesen und trägt diesen doppelt-logarithmisch über der Körpermasse  $M$  auf (Abbildung 7.9),

so ergibt sich der lineare Zusammenhang  $\log S = a \cdot \log M + b$  mit einer Steigung von  $a \approx 0.75$ . Daraus kann man die Dimension schließen, wenn man annimmt, dass die Masse proportional zum Volumen ist und das Volumen proportional zur dritten Potenz der linearen Ausdehnung  $r$ . Es gilt  $S \sim M^a$ , also  $S \sim r^{3a}$ . Man erhält die Dimension  $D \approx 3 \cdot 0.75 = 2,25$ .

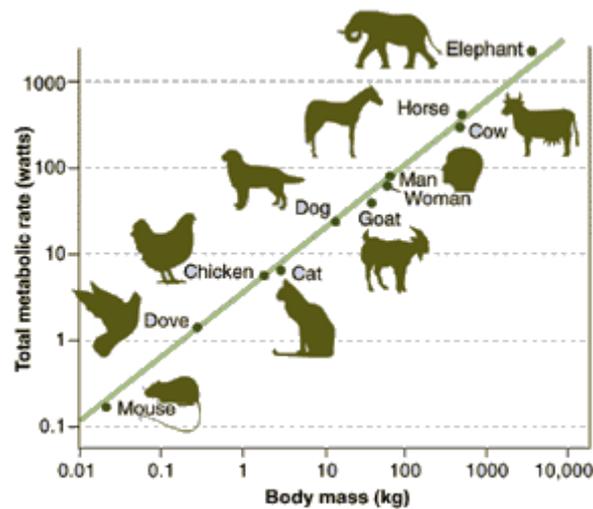


Abbildung 7.9: Korrelation zwischen Körpergröße und metabolischer Rate (Bild: University of New Mexico, James Brown)

Korrelation zwischen Körpergröße und metabolischer Rate (Bild: University of New Mexico, James Brown)

- Die Dimension der Hirnhaut, d.h. der Hirnoberfläche ist  $D \approx 2,79$ .
- Die Verästelungen der Bronchien sind nahezu selbstähnlich. Es ergibt sich eine Dimension von  $D \approx 2,8$ . Bei der Dosierung von Medikamenten muss dies berücksichtigt werden

## 7.6 Programme

### 7.6.1 Cantor-Floh

SmallBasic -Programm zur Erzeugung der Cantor-Menge:

```
'Initialisierung
randomize(1)
cls
'Skalierungsfaktor fuer die Ausgabe
scale=400
'Anzahl der Schritte
N=100
'Startpunkt
x =2/3
for j = 1 to N
  'Zufallszahl erzeugen (1 oder 2)
  p=int(2*rnd)+1
  if p=1 then
    x=x/3
  else
    x=2/3+x/3
  endif
  ' Linie zeichnen
  line 100+scale* x,100,100+scale* x,200, color p
next j
end
```

## 7.6.2 Sierpinski-Dreieck

SmallBasic -Programm zur Erzeugung der Sierpinski-Menge:

```
'Initialisierung
randomize(1)
cls
'Skalierungsfaktor fuer die Ausgabe
scale=4
'Anzahl der Schritte
N=10000
'Eckpunkte
DIM px(3)
DIM py(3)
px(1)=0
py(1)=0
px(2)=100
py(2)=0
px(3)=50
py(3)=87
'Startpunkt
x =50
y =50
for j = 1 to N
    'Zufallszahl erzeugen (1,2 oder 3)
    p=int(3*rnd)+1
    x=(x+px(p))/2
    y=(y+py(p))/2
    pset 100+scale* x,400 -scale*y color p
next j
end
```

### 7.6.3 Farn

SmallBasic -Programm zur Erzeugung des Farns:

```
' FERN
cls
scale=50
' Startwert
xalt = 1
yalt = 0
' Wahrscheinlichkeiten (Summe=1)
w1=0.79
w2=0.1
w3=0.1
w4=0.01

FOR i = 1 to 100000
q = rnd
  IF q<w1 THEN
    x = .85*xalt + .04*yalt
    y = -.04*xalt + .85*yalt + 1.6
  ELSEIF q<w1+w2 THEN
    x = .2*xalt - .26*yalt
    y = .23*xalt +.22*yalt + 1.6
  ELSEIF q<w1+w2+w3 THEN
    x = -.15*xalt + .28*yalt
    y = .26*xalt +.24*yalt + .44
  ELSE
    x=0
    y=0.16*yalt
  ENDIF

  pset 300+scale*x,600-scale*y color 2
  xalt=x
  yalt=y
NEXT i
END
```

### 7.6.4 Mandelbrot-Menge

SmallBasic -Programm zur Erzeugung der Mandelbrotmenge.

```
' Iteration c=c*c+c
' c=c_re +c_im
cls
scale=200
minx=-2
maxx=0.5
miny=-1.2
maxy=1.2
acc=50
fine=0.005
FOR c_im=miny to maxy step fine
  FOR c_re=minx to maxx step fine
    'Iterationsstartwert
    zx=c_re
    zy=c_im
    count=0
    WHILE (zx*zx+zy*zy<4) AND count<acc
      tempx=zx*zx-zy*zy+c_re
      zy=2*zx*zy+c_im
      zx=tempx
      count=count+1
    WEND
    if count>=acc THEN
      PSET 500+scale*c_re,250- scale*c_im
    endif
  NEXT
NEXT
END
```



## 8 Mathematische Epidemiemodelle

Unter einer Epidemie (aus dem Griechischen für „im Volk verbreitend,“) versteht man ein stark gehäuftes örtlich und zeitlich begrenztes Vorkommen einer Erkrankung, insbesondere von Infektionskrankheiten. Bei einer Ausbreitung über mehrerer Länder und Kontinente spricht man von einer Pandemie.

Mathematische Epidemiemodelle beschreiben die Dynamik und Ausbreitung von Epidemien. Sie liefern ein Verständnis der Auswirkungen krankheitspezifischer Eigenschaften auf den Epidemieverlauf, wie z.B. die Auswirkung der Länge der Inkubationszeit<sup>1</sup>

### Historischer Überblick

- **Hippokrates 459 -ca. 370 v. Chr.:** Begründer der wissenschaftlichen Medizin, erste Aufzeichnungen von Krankheitsverläufen
- **Louis Pasteur 1822-1895:** Begründer der Mikrobiologie, Entwicklung der Schutzimpfungen gegen Hühnercholera, Milzbrand und Tollwut
- **Robert Koch 1843 - 1910:** Entdecker des Tuberkulose-Bazillus
- **19. Jahrhundert:** Aufzeichnung von Krankheitsverläufen und Erklärungsversuche von Epidemien (Cholera, Typhus, Pocken)
- **Ende des 19. Jahrhundert:** erste Modelle
- **Kermack & McKendrick (1927):** Klassisches Epidemiemodell (SIR), Schwellenwertsatz der Epidemiologie

### Wichtige Faktoren bei der Modellierung von Epidemien

- **Übertragungswege**  
Zwischenwirte, Blutkontakt, Tröpfcheninfektion
- **Immunität**  
durch Erkrankung, durch Impfung
- **Latenzzeit und Inkubationszeit**
- **Krankheitsverlauf**  
Dauer, Letalität, bei Kindern/Erwachsenen

<sup>1</sup>Die Inkubationszeit, ist die Zeitspanne zwischen der Infektion (Eindringen des Erregers in den Körper) bis zum Auftreten der ersten Symptome (bei Masern 8-14 Tage). Die Inkubationszeit ist zu unterscheiden von der Latenzzeit, Zeitspanne zwischen dem Eindringen des Erregers und dem Beginn der Infektiosität.

- **Populationsstruktur**  
Dichte, Verteilung
- **Reaktion auf Fallzahlen**  
Schulschließungen, Impfungen, Quarantäne, Verhaltensänderungen

### Statistische Kenngrößen von Epidemien

- **Prävalenz**
  - relative Prävalenz:** Anteil der Infizierten/Erkrankten an der Gesamtbevölkerung
  - absolute Prävalenz:** Anzahl der Infizierten/Erkrankten
- **Inzidenz**
  - relative Inzidenz:** Anteil der Neuinfizierten/Neuerkrankten an der Gesamtbevölkerung in einem bestimmten Zeitraum
  - absolute Inzidenz:** Anzahl der Neuinfizierten/Neuerkrankten an der Gesamtbevölkerung in einem bestimmten Zeitraum
  - kumulative Inzidenz:** Gesamtzahl der Neuinfizierten/Neuerkrankten bis zu einem bestimmten Zeitpunkt

## 8.1 Das klassische Epidemiemodell nach Kermack & McKendrick

Es wird eine Bevölkerung mit einer konstanten Größe  $N$  zugrunde gelegt. In dieser Bevölkerung seien alle Personen für die modellierte Krankheit gleich anfällig. Die Übertragung der Krankheit findet durch den Kontakt einer infizierten Person  $I$  (engl. infectious) mit einer anfälligen Person  $S$  (engl. susceptible) statt. Eine Person, die infiziert wurde, gesundet nach einer gewissen Zeit und wird eine immune Person  $R$  (engl. removal). Es wird hierbei nicht zwischen infizierten und erkrankten Personen unterschieden. Aus den englischen Bezeichnungen leitet sich der Name SIR-Modell ab:

$S(t)$  Anzahl der anfälligen Personen zur Zeit  $t$ ,

$I(t)$  Anzahl der infizierten Personen zur Zeit  $t$  und

$R(t)$  Anzahl der gesunden Personen zur Zeit  $t$

Man nimmt an, dass zu Beginn einer Epidemie eine sehr kleine Anzahl von Personen infiziert ist:  $I(0) \ll N$  und die restlichen Personen anfällig sind  $S(0) = N - I(0)$ ,  $R(0) = 0$ .

Wird eine Infektion durch den Kontakt eines Anfälligen mit einem Infizierten hervorgerufen, so ist das Infektionsrisiko eines Anfälligen umso größer, je mehr Infizierte in der Bevölkerung sind. Die Ansteckungsrate  $B$  wird mit der Zahl der Infizierten steigen:

$$B = \beta I$$

Hierbei ist  $\beta$  ein Parameter, der die Infektiosität angibt. Geht man von einer Population mit konstanter Populationsgröße  $N$  aus, so beträgt der Anteil der Infizierten  $\frac{I}{N}$ . Betrachtet man eine anfällige Person, so hat diese innerhalb eines Zeitintervalls  $k$  Kontakte zu anderen Personen. Die Anzahl der Kontakte zu infizierten beträgt somit  $k \cdot \frac{I}{N}$ . Von diesen potentiell gefährlichen Kontakten führt nur ein Teil  $a$  zur Infektion (Ansteckungswahrscheinlichkeit oder Ansteckungsrisiko). Die Zahl der fatalen Kontakte (also derer, die zur Infektion führen) beträgt somit für eine anfällige Person im betrachteten Zeitintervall  $a \cdot k \cdot \frac{I}{N}$ . Dies ist die Infektionsrate  $B$

$$B = a \cdot k \cdot \frac{I}{N} = \beta I \quad \text{mit} \quad \beta = \frac{a \cdot k}{N} \quad (8.1)$$

Die Konvertierung von infiziert zu immun hängt von der Gesundungsrate  $\gamma$  und der Anzahl der aktuell Infizierten ab. Man erhält somit folgendes Modell:

$$\begin{aligned} \dot{S} &= -\beta IS \\ \dot{I} &= \beta IS - \gamma I \\ \dot{R} &= \gamma I \end{aligned} \quad (8.2)$$

Führt man zusätzlich den Parameter  $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$  ein, so erhält man das Modell

$$\begin{aligned} \dot{S} &= -\beta SI \\ \dot{I} &= \beta(S - \rho)I \\ \dot{R} &= \beta \rho I \end{aligned} \quad (8.3)$$

(Für eine konstante Bevölkerungsgröße gilt zu jeder Zeit  $S + I + R = N$ . Das System lässt sich also auf zwei Gleichungen reduzieren.)

Diesem System sieht man den Epidemieverlauf bereits an. Für  $S > \rho$  gilt  $\dot{I} > 0$ , für  $S < \rho$  gilt  $\dot{I} < 0$ . Das bedeutet das die Epidemie ausbrechen kann, wenn die Anzahl der Anfälligen oberhalb des Schwellenwerts  $\rho$  liegt. Anderenfalls ebbt sie ab. Das Systemverhalten ist in Abbildung 8.1 dargestellt.

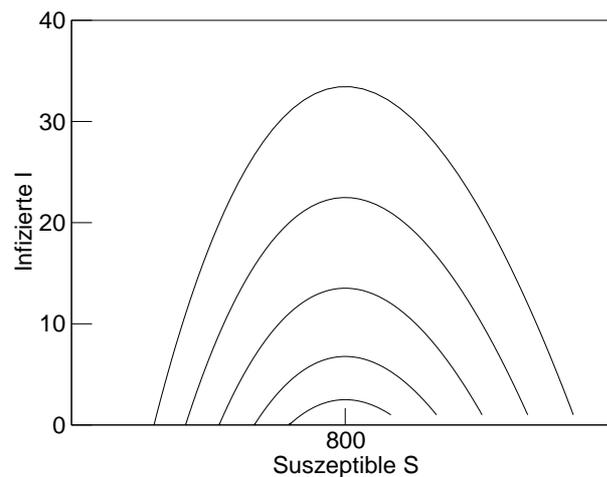


Abbildung 8.1: Lösungen im S-I-Phasenraum des klassischen Epidemiemodells nach Kermack & McKendrick für  $\beta = 0.005$  und  $\rho = 800$ .

### Satz 8.1.1 Schwellenwersatz der Epidemiologie

Für das Epidemiemodell 8.3 gilt: Sei die Anzahl der Anfälligen zu Beginn der Epidemie  $S(0) = \rho + \varepsilon$  für ein  $\varepsilon > 0$  und die Anzahl der Infizierten sehr viel kleiner als die Anzahl der Anfälligen  $I(0) \ll S(0)$ , so werden schliesslich ca.  $2 \varepsilon$  Personen erkranken.

**Beweis** Es ist zu zeigen, dass nach Abklingen der Epidemie, wenn also  $\dot{R} = 0$  gilt,  $R^* \approx 2 \varepsilon$  gilt. Aus  $\dot{R} = \gamma I$  folgt  $I = \frac{1}{\gamma} \dot{R}$ . Damit gilt

$$\frac{\dot{S}}{S} = -\frac{\beta}{\gamma} S \dot{R} = -\frac{1}{\rho} \dot{R}$$

Integration auf beiden Seiten führt zu

$$\int_0^t \frac{\dot{S}(x)}{S(x)} dx = -\frac{1}{\rho} \int_0^t \dot{R}(x) dx$$

Mit  $R(0) = 0$  gilt

$$\int_{S(0)}^{S(t)} \frac{1}{y} dy = -\frac{1}{\rho} R(t)$$

$$S(t) = S(0) \cdot e^{-\frac{1}{\rho} R(t)}$$

Diese Gleichung kann man nun in die dritte Gleichung einsetzen und erhält

$$\dot{R}(t) = \gamma I(t) = \gamma(N - R(t) - S(t)) = \gamma \left( N - R(t) - S_0 \cdot e^{-\frac{1}{\rho} \cdot R(t)} \right)$$

eine Gleichung, in der nur noch die Zustandsvariable  $R$  vorkommt. Diese Gleichung ist zwar nicht explizit lösbar, kann aber durch eine Taylorentwicklung für  $f(R) = e^{-\frac{1}{\rho} \cdot R}$  an der Stelle  $R = 0$  approximiert werden:

$$f(0+R) \approx f(0) + f'(0) \cdot R + \frac{1}{2} f''(0) \cdot R^2 = 1 - \frac{1}{\rho} \cdot R + \frac{1}{2\rho^2} \cdot R^2$$

Man erhält somit

$$\dot{R} = \gamma \left( N - R - S_0 + \frac{S_0}{\rho} \cdot R - \frac{S_0}{2\rho^2} \cdot R^2 \right) = \gamma \left( I_0 + \left( \frac{S_0}{\rho} - 1 \right) \cdot R - \frac{S_0}{2\rho^2} \cdot R^2 \right)$$

da  $N = S_0 + I_0$  gilt.

Für die Anfangswerte  $S_0 = \rho + \varepsilon$  mit  $\varepsilon \ll \rho$  und  $I_0 \ll \varepsilon$  gilt

$$\dot{R} \approx \gamma \left( \left( \frac{\rho + \varepsilon}{\rho} - 1 \right) \cdot R - \frac{\rho + \varepsilon}{2\rho^2} \cdot R^2 \right) = \gamma R \left( \frac{\varepsilon}{\rho} - \frac{\rho + \varepsilon}{2\rho^2} \cdot R \right)$$

Es gilt  $\dot{R} = 0$  für  $R^* = 0$  (vor Beginn der Epidemie) und

$$R^* = \frac{\varepsilon}{\rho} \cdot \frac{2\rho^2}{\rho + \varepsilon} \approx 2\varepsilon$$

nach Abklingen der Epidemie. ■

**Bemerkung:** Die Approximation führt zu einer Unterschätzung der Epidemie.

### 8.1.1 Stabilitätsanalyse des SIR-Modells

Es reicht, das zweidimensionale Modell

$$\begin{aligned} \dot{S} &= -\beta SI \\ \dot{I} &= \beta(S - \rho)I \end{aligned} \tag{8.4}$$

zu untersuchen.

### Teilgleichgewichte

$$\{\dot{S} = 0\} = \{(S, I) \mid I = 0 \text{ oder } S = 0\}$$

$$\{\dot{I} = 0\} = \{(S, I) \mid I = 0 \text{ oder } S = \rho\}$$

### Stationäre Zustände

Die stationären Zustände des Modells sind alle Punkte  $(S^*, I^*) = (S, 0), S \geq 0$ . Damit besteht die gesamte S-Achse aus Fixpunkten.

### Stabilität

Da die gesamte S-Achse aus Fixpunkten besteht, kann keine asymptotische Stabilität erwartet werden.

Die Linearisierung des Systems 8.4 ergibt die Jacobimatrix

$$J(S^*, I^*) = \begin{bmatrix} -\beta I^* & -\beta S^* \\ \beta I^* & \beta(S^* - \rho) \end{bmatrix} \quad (8.5)$$

Für  $(S^*, I^*) = (S, 0)$  gilt  $\text{spur } J = \beta(S - \rho)$  und  $\det J = 0$ , und man erhält die Eigenwerte

$$\lambda_1 = \beta(S - \rho)$$

$$\lambda_2 = 0$$

Für  $S > \rho$  gilt  $\lambda_1 > 0$ . In diesem Fall ist der Fixpunkt  $(S, 0)$  instabil, die Epidemie bricht aus.

#### 8.1.2 Das SIS-Modell

Eine vereinfachte Version des SIR-Modells ist das SIS-Modell, bei dem angenommen wird, dass die Infizierte/Kranken Personen  $I$  nach einer gewissen Zeit wieder anfällig werden:

$$\dot{S} = -BS + \gamma \cdot I$$

$$\dot{I} = BS - \gamma I \quad (8.6)$$

Unter der Annahme einer konstanten Bevölkerungsgröße  $N$  gilt  $S+I=N$  für alle Zeiten und das System kann auf eine Gleichung reduziert werden:

$$\dot{I} = B(N-I) - \gamma I \quad (8.7)$$

Nimmt man nun wiederum an, dass die Infektionsrate durch

$$B = a \cdot k \cdot \frac{I}{N}$$

gegeben ist und nimmt vereinfachend an, dass sämtliche Kontakte mit einer infizierten Person fatal sind, also zur Infektion führen, also  $a = 1$  gilt, so erhält man die Gleichung

$$\dot{I} = \frac{k}{N} \cdot (N-I) \cdot I - \gamma \cdot I = k \cdot \left(1 - \frac{I}{N}\right) \cdot I - \gamma \cdot I =: f(I) \quad (8.8)$$

Die stationären Zustände sind durch  $I_0^* = 0$  und  $I^* = N \cdot \left(1 - \frac{\gamma}{k}\right)$  gegeben. Die Epidemie kann innerhalb der Bevölkerung endemisch persistieren, wenn der nichttriviale stationäre Zustand stabil ist. Es gilt

$$\frac{df(I)}{dI} = k - \gamma - 2\frac{k}{N} \cdot I$$

und damit

$$\frac{df(I^*)}{dI} = \gamma - k$$

Der Zustand  $I^*$  ist also stabil für  $\gamma - k < 0$  oder anders ausgedrückt für  $\frac{k}{\gamma} > 1$ .

### Basisreproduktionszahl und infektiöse Periode

Der Quotient  $R_0 = \frac{k}{\gamma}$  heisst **Basisreproduktionszahl**. Die Basisreproduktionszahl kann als die Anzahl der Neuinfektionen durch einen Infizierten verstanden werden. Diese Näherung gilt nur für sehr wenig Infizierte in einer nahezu vollständig anfälligen Population.

Die Basisreproduktionszahl ist die durchschnittliche Anzahl potentiell infektiöser Kontakte eines Infizierten während der gesamten infektiösen Periode oder anders ausgedrückt, die Basisreproduktionszahl gibt die Anzahl der Sekundärfälle an, die von einer infektiösen Person in einer völlig suszeptiblen Bevölkerung ausgehen könnten.

Die mittlere Dauer der **infektiösen Periode** eines Infizierten kann wie folgt abgeschätzt werden: Ist  $J_0$  die Anzahl der infizierten zur Zeit 0. Von diesen sind zur Zeit  $t$  noch

$$J(t) = J_0 \cdot e^{-\gamma t}$$

infiziert. Bis zum Zeitpunkt  $T$  ist von den anfangs  $J_0$  Infizierten der Anteil

$$F(T) = \frac{J_0 - J(T)}{J_0} = 1 - e^{-\gamma T}$$

nicht mehr infiziert.  $F(T)$  ist also die Verteilungsfunktion der Zeit bis zur Genesung. Die zugehörige Dichtefunktion lautet:

$$f(T) = F'(T) = \gamma \cdot e^{-\gamma T}$$

Die mittlere Dauer der infektiösen Periode  $E(T)$  (Erwartungswert) beträgt

$$E(T) = \int_0^{\infty} t \cdot f(t) dt = \int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma t} dt = -te^{-\gamma t} \Big|_0^{\infty} + \int_0^{\infty} e^{-\gamma t} dt = 0 - \frac{1}{\gamma} e^{-\gamma t} \Big|_0^{\infty} = \frac{1}{\gamma}$$

Die mittlere Dauer der infektiösen Periode ist also gerade der Kehrwert der Genesungsrate. Pro Zeitintervall infiziert eine infektiöse Person also  $k$  weitere Personen und dies geschieht im Mittel  $\frac{1}{\gamma}$  Zeitintervalle. Damit ist die Basisreproduktionszahl das Produkt aus der Kontaktzahl pro Zeiteinheit und der mittleren Dauer der infektiösen Periode (ausgedrückt in Zeiteinheiten).

### Bestimmung der Basisreproduktionszahl aus der finalen Suszeptiblenzahl

Für das klassische Epidemiemodell gilt

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I}{-\beta \cdot S \cdot I} = -1 + \frac{\gamma}{\beta \cdot S}$$

Daraus folgt durch Integration

$$I(S) = -S + \frac{\gamma}{\beta} \ln S + C$$

Mit  $I(S_0) = I_0$  erhält man die Konstante

$$C = I_0 + S_0 - \frac{\gamma}{\beta} \ln S_0$$

Nach Abklingen der Epidemie ( $I_0$ ) bleibt die Zahl  $S_\infty$  an Suszeptiblen übrig, also gilt  $I(S_\infty) = 0$ :

$$I(S_\infty) = -S_\infty + \frac{\gamma}{\beta} \ln S_\infty + I_0 + S_0 - \frac{\gamma}{\beta} \ln S_0 = 0$$

mit  $I_0 + S_0 = N$  gilt

$$\frac{\gamma}{\beta} \ln \frac{S_\infty}{S_0} + N - S_\infty = 0$$

also

$$\frac{\beta}{\gamma} = \frac{\ln \frac{S_\infty}{S_0}}{S_\infty - N}$$

Daraus folgt für die Basisreproduktionszahl

$$R_0 = \frac{\beta \cdot N}{\gamma} = \frac{\ln \frac{S_\infty}{S_0}}{\frac{S_\infty - N}{N}}$$

Nimmt man an, dass zu Beginn der Epidemie  $S_0 \approx N$  gilt folgt

$$R_0 = \frac{\ln \frac{S_\infty}{S_0}}{\frac{S_\infty}{S_0} - 1}$$

### 8.1.3 Epidemiologische Schlussfolgerung

Das endemische Gleichgewicht existiert, wenn die Kontaktzahl  $k$  über dem Schwellenwert  $\gamma$  liegt, also die Basisreproduktionszahl  $R_0 = \frac{k}{\gamma} = \frac{\beta \cdot N}{\gamma} > 1$  gilt. Die Epidemie kann beendet werden, wenn die Basisreproduktionszahl unter 1 gesenkt werden kann. Dies kann durch

- Verringerung der Kontakte,
- Verkürzung der infektiösen Periode (Kehrwert von  $\gamma$ ) und
- Impfung

geschehen.

## 8.2 Masern

Masern sind hochansteckende fieberhafte, exanthematische Viruserkrankungen, die nur beim Menschen vorkommen. Schwere Krankheitsverläufe mit Komplikationen in Form von Pneumonien, Mittelohrentzündungen, Bronchitiden sowie der lebensbedrohenden akuten postinfektiösen Enzephalitis (0,1 % aller Erkrankungsfälle) sind möglich. Darüber hinaus kommt es bei etwa 1 pro 100.000 Erkrankungen zum Auftreten der sog. subakuten sklerosierenden Panenzephalitis (SSPE), die immer zum Tod führt. Masernerkrankungen können durch eine Impfung effektiv verhindert werden. Die Eliminierung der Masern bis zum Jahr 2010 ist ein erklärtes Gesundheitsziel der WHO. Um dies zu erreichen, sollten 95 % der Bevölkerung durch Impfung bereits im Kindesalter geschützt sein (s. a. RKI, Epid. Bull. 10/2004). Masern sind weltweit verbreitet. Aufgrund der hohen Infektiosität treten Masern meist als Kinderkrankheit auf und hinterlassen eine lebenslange Immunität. Masern werden durch Tröpfcheninfektion übertragen, also z.B. durch Husten, Niesen oder Sprechen. Die Inkubationszeit beträgt zwischen ca. 9 und 14 Tagen. Weltweit sind die Masern mit jährlich 31 Millionen Erkrankungen und 614.000 Todesfällen (2002) weiterhin eine Hauptursache für Todesfälle im Kindesalter, die durch Impfung vermeidbar wären (Quelle: RKI).

Epidemiologisch gesehen ist die Bevölkerungsdichte ein wesentlicher Parameter für den Verlauf der Epidemie (siehe Spektrum der Wissenschaft, 1984. Insuläre Epidemien). Die Ansteckungsrate variiert im Laufe des Jahres, sie ist z.B. während der Schulferien geringer.

Um die Auswirkung der Bevölkerungsdichte zu berücksichtigen, muss im klassischen Epidemiemodell die Ansteckungsrate  $B$  modifiziert werden. Desweiteren wird eine Zu- und Abwanderung von Teilen der Bevölkerung berücksichtigt.

### Das Masern-Modell

Es wird angenommen, dass die Bevölkerungsgröße  $N$  konstant ist. Es findet eine Migration statt, wobei pro Tag  $\mu \cdot N$  gesunde Personen pro Quadratkilometer einwandern und dieselbe Personenzahl das Gebiet verlässt. Die auswanderenden Personen setzen sich anteilig aus Gesunden, infizierten und immunen zusammen. Es wird im Modell nicht zwischen infizierten und erkrankten Personen unterschieden.

Erkrankte Personen werden mit einer Gesundungsrate  $\rho$  immun.

$$\dot{S} = \mu \cdot N - B \cdot S - \mu \cdot S$$

$$\dot{I} = B \cdot S - \rho \cdot I - \mu \cdot I$$

$$\dot{R} = \rho \cdot I - \mu \cdot R$$

**Zustandsvariablen:**

**S:** Dichte der Suszeptiblen in Einwohner/ $km^2$

**I:** Dichte der Infizierten in Einwohner/ $km^2$

**R:** Dichte der Immunen in Einwohner/ $km^2$

**Parameter:**

**N:** Bevölkerungsdichte in Einwohner/ $km^2$

$\mu$ : Zuwanderungsrate in in 1/Tag

**B:** Infektionsrate in 1/Tag

$\rho$ : Gesundungsrate von infiziert nach immun in 1/Tag

Geht man im klassischen Epidemiemodell von einer konstanten Populationsgröße  $N$  aus, so kann man die Infektionsrate  $B$  entsprechend Gleichung 8.2 interpretieren:

$$B = a \cdot k \cdot \frac{I}{N}$$

Hierbei ist  $a$  das Ansteckungsrisiko bei einem fatalen Kontakt und  $k$  die Anzahl der Kontakte einer anfälligen Person in einem Zeitintervall.

Bei hoher Bevölkerungsdichte (z.B. in Großstädten) ist die Zahl der Kontakte pro Zeiteinheit größer als bei niedriger Bevölkerungsdichte (z.B. auf dem Land). Da Masern über Tröpfcheninfektion übertragen werden, kann man sich vor einer Infektion nicht wirklich schützen, so dass die Infektionsrate bei hoher Dichte zunehmen wird.

Die Kontaktzahl  $k$  soll also abhängig von der Bevölkerungsdichte  $N$  sein. Ist  $\kappa$  die Anzahl der Kontakte bei einer Bevölkerungsdichte  $N_\kappa$ , so ist folgende Annahme sinnvoll:

$$k(N) = \frac{\kappa_N \cdot N}{N_\kappa}$$

Dann erhält man die Infektionsrate  $B$ :

$$B = a \cdot \frac{\kappa_N \cdot N}{N_\kappa} \cdot \frac{I}{N} = a \cdot \frac{\kappa_N}{N_\kappa} \cdot I$$

Man kann nun über  $N_\kappa$  oder  $\kappa$  die Kontaktzahl steuern. Angenommen die Kontaktzahl  $k$  beträgt bei einer Bevölkerungsdichte von  $N_\kappa = 200$  Personen pro Quadratkilometer  $\kappa = 5$  Kontakte pro Tag, dann wird sie für  $N=1000$  Personen pro Quadratkilometer das Fünffache betragen.

Die Anzahl der Kontakte  $\kappa$  bei der Bevölkerungsdichte  $N_\kappa$  hängt von der Jahreszeit ab. Während der Sommermonate, wenn Schulferien sind, ist die Zahl der Kontakte geringer. Hierzu modifiziert man  $\kappa$  so, dass es im Sommer niedriger als im Winter ist. Dies kann durch eine Rechteckkurve oder auch durch eine Cosinuskurve geschehen:

$$\tilde{\kappa}(t) = \kappa \cdot \left( \frac{1+c}{2} + \frac{1-c}{2} \cdot \cos \frac{2\pi t}{365} \right)$$

Der Parameter  $c \in [0, 1]$  gibt an, auf wieviel Prozent des ursprünglichen Wert  $\kappa$  gesenkt wird.

### 8.2.1 Simulationsergebnis

Die Simulationsverläufe in Abbildung 8.2 wurden mit folgender Parametrisierung berechnet:

|                          |   |
|--------------------------|---|
| $N = 200, 500, 900$      | Bevölkerungsdichte in Einwohner/ $km^2$             |
| $\mu = 0.001$            | Migrationsrate in 1/Tag                             |
| $a = 0.05$               | Ansteckungsrate in 1/Tag                            |
| $\rho = 0.1$             | Gesundungsrate in 1/Tag                             |
| $\kappa = 5$             | Kontaktzahl bei der Bevölkerungsdichte $N_\kappa$   |
| $N_\kappa = 200$         | Referenzbevölkerungsdichte in Einwohner/ $km^2$     |
| $I(0) = 1.0$             | anfängliche Infiziertendichte in Einwohner/ $km^2$  |
| $R(0) = 0.8 \cdot N$     | anfängliche Immunendichte in Einwohner/ $km^2$      |
| $S(0) = N - R(0) - I(0)$ | anfängliche Suszeptiblendichte in Einwohner/ $km^2$ |

Das Model beschreibt ausschliesslich die Abhängigkeit der Infiziertenzahlen von der Kontaktzahl. In einem realistischeren Modell muss zusätzlich der Impfstatus der Bevölkerung berücksichtigt werden.

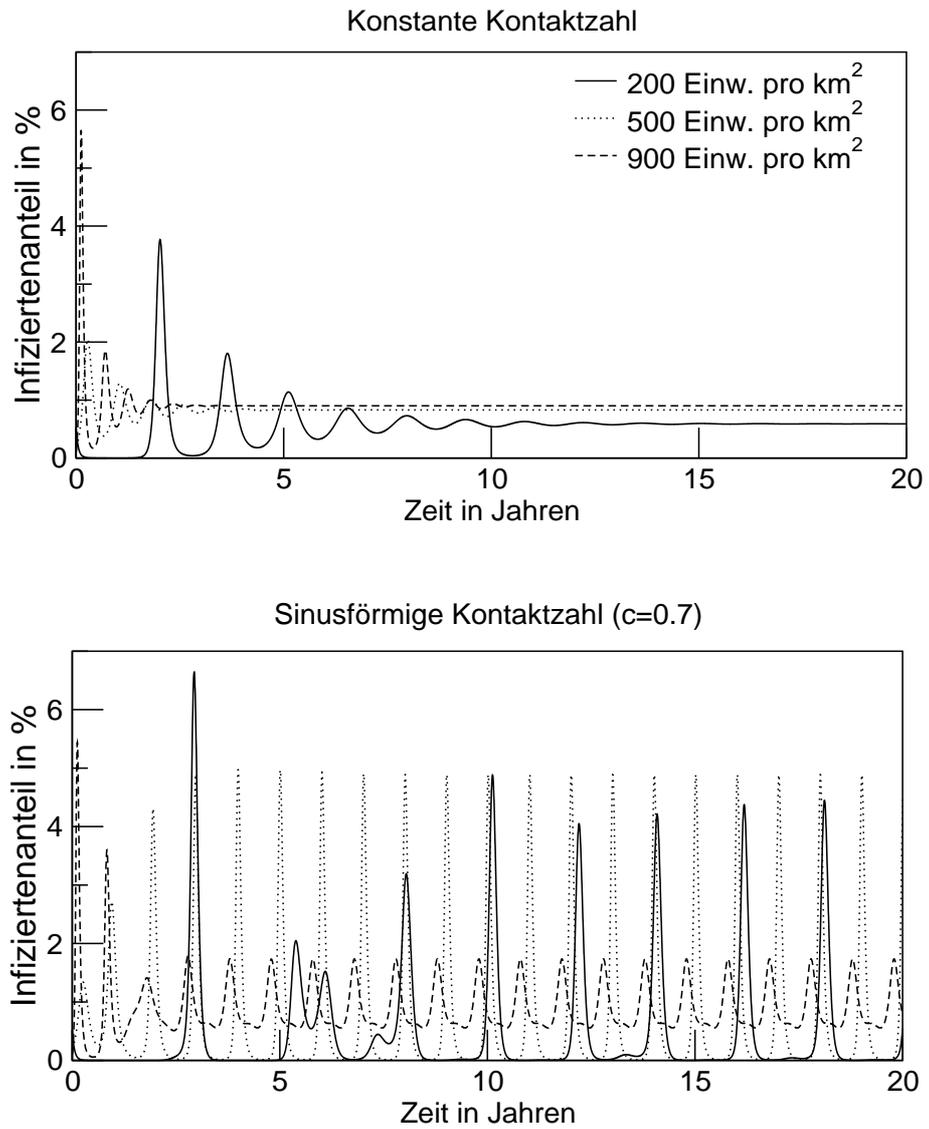


Abbildung 8.2: Simulationsergebnisse für die Masernepidemie mit konstanter Kontaktzahl (oben) und sinusförmiger Kontaktzahl mit einem Minimum im Sommer ( $c=0.7$ , unten).

### 8.3 Das AIDS-Modell AiMo

Bei der Krankheit AIDS (acquired immunodeficiency syndrome) handelt es sich um eine Virusinfektion mit dem Lentivirus HIV. Die Zielzellen des HIV-Virus sind die T-Helferzellen des Immunsystems, die die Abläufe der Immunantwort steuern. Bricht AIDS aus, so ist die gesamte Immunantwort auf jedwede Erreger gestört, der Patient erkrankt auch an sonst harmlosen Erregern (sogenannte opportunistische Infektionen). Letztlich führt der Zusammenbruch des Immunsystems und die damit verbundenen Erkrankungen inklusive Krebs zum Tod. AIDS ist bisher nicht heilbar. Es gibt bisher auch keinen Impfstoff, da der Erreger sehr wandlungsfähig ist. Behandlungsmöglichkeiten bestehen mit Kombinationstherapien, die die Ausbreitung von HIV im Körper verlangsamen. Die Krankheit wird ausschliesslich durch den Austausch von Körperflüssigkeiten übertragen. Die häufigsten Übertragungswege sind ungeschützter Geschlechtsverkehr und die Nutzung kontaminierter Spritzen bei Drogenabhängigen. AIDS ist durch eine sehr lange und variable Inkubationszeit gekennzeichnet.

Die epidemiologisch wichtigen Kennzeichen der HIV-Infektion sind

- lange Inkubationszeit mit großer Varianz
- hohe Mortalität
- hohe Krankheitspenetranz
- Übertragung durch Blutkontakt

Aufgrund der langen Inkubationszeit ist eine Übertragung des klassischen Epidemiemodells nur eingeschränkt möglich, das dort zwischen Infizierten und erkrankten nicht unterschieden wird. Desweiteren geht das klassische Modell davon aus, dass die Kontakte in der Bevölkerung, die zur Infektion führen, homogen verteilt sind. Dies ist bei einer Infektion durch Blutkontakt sicher nicht der Fall. Insbesondere kann sich jede Person aktiv vor einer Infektion schützen.

Beim klassischen Epidemiemodell

$$\dot{S} = -B \cdot S$$

$$\dot{I} = B \cdot S - \gamma \cdot I$$

$$\dot{R} = \gamma \cdot I$$

ist die Ansteckungsrate  $B$  nach Gleichung 8.2 durch

$$B = a \cdot k \cdot \frac{I}{N}$$

gegeben, wobei  $a$  das Infektionsrisiko,  $k$  die Anzahl der Kontakte pro Zeiteinheit und  $\frac{I}{N}$  der Anteil der Infizierten an der Gesamtbevölkerung darstellt.

Bei AIDS muss nun  $R$  als die Anzahl der erkrankten Personen interpretiert werden, da es zu keiner Gesundung oder Immunität kommt. Man kann vereinfachend davon ausgehen, dass Erkrankte keinerlei Kontakte pflegen, die zur Infektion führen können. Damit gilt bei AIDS

$$B = a \cdot k \cdot \frac{I}{I+S} \quad (8.9)$$

Die Lösungskurven für dieses modifizierte Modell sind in Abbildung 8.3 gegeben. Man sieht, dass letztlich die Bevölkerung ausstirbt, was nach heutigem Kenntnisstand unrealistisch ist.

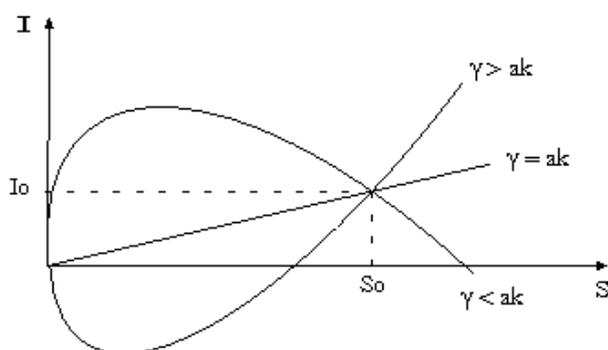


Abbildung 8.3: Die Modifikation des klassischen Modells nach Gleichung 8.9 führt zum Aussterben der Population.

Die Ursache hierfür liegt darin, dass seitens der Bevölkerung keine Reaktion auf die bisherigen Fallzahlen stattfindet und dass keine Sättigungseffekte auftreten, da die Bevölkerung bezogen auf ihr Kontaktverhalten als homogen angenommen wird. Da man sich vor einer Infektion aktiv schützen kann, wird bei zunehmender Krankenzahl die Bevölkerung reagieren. Dies kann auf verschiedene Weisen passieren. Es kann einerseits die Zahl der Kontakte reduziert werden oder auch das Ansteckungsrisiko bei einem Kontakt verringert werden. Zu letzterem zählt die Verwendung von Kondomen und Verwendung steriler Spritzen durch IV-Drogenabhängige.

Um diesen Aspekten Rechnung zu tragen wird der Ansatz der homogen agierenden Bevölkerung aufgegeben und die Reaktion der Bevölkerung auf die Fallzahlen berücksichtigt.

### 8.3.1 Die Bevölkerungsstruktur

Im Modell werden die Personen einer fiktiven Bevölkerung betrachtet, die zwischen ca. 15-65 Jahre alt sind. Diese Personen werden in  $n$  Gruppen eingeteilt, die durch die mittlere Anzahl potentiell gefährlicher Kontakte pro Jahr gekennzeichnet ist. Hierbei wird angenommen, dass die Personen der  $i$ -ten Gruppe ( $i = 1 \dots n$ ) im Mittel  $2^{i-1}$  Kontakte pro Jahr haben. Somit hat die erste Gruppe keine potentiell gefährlichen Kontakte.

Desweiteren wird eine feste „Geburtenrate,, und „Sterberate“ angenommen. Es wird angenommen, dass es sich bei den „Geburten“ um nichtinfizierte Personen handelt. Die Bevölkerungsgröße bleibt so über die Zeit konstant (wenn man die Todesfälle durch AIDS weiterhin als Krankheitsfälle zählt).

Es wird angenommen, dass pro Zeiteinheit ein Teil der Bevölkerung das Verhalten ändert und in eine benachbarte Gruppe „wandert“. Diese Wanderung ist so angelegt, dass ohne HIV-infizierte die Gruppengrößen konstant bleiben (Fließgleichgewicht). Als Anfangsverteilung wird eine Binomialverteilung angenommen.

### 8.3.2 Die Neuinfektionen

Die Anzahl der Neuinfektionen hängt von der aktuellen Nichtinfiziertenzahl  $S$ , Infiziertenzahl  $I$  (ohne Erkrankte), der Kontaktzahl  $k$  und dem Ansteckungsrisiko  $a$  ab.

Für die Ansteckungsrate  $B_i$  in der  $i$ -ten Gruppe gilt:

$$B_i = a \cdot k_i \frac{\sum_{j=1}^n I_j}{\sum_{j=1}^n I_j + S_j} \quad (8.10)$$

Der Bruch gibt die Anzahl aller fatalen Kontakte bezogen auf die Anzahl sämtlicher Kontakte an. Die Zahl der Neuinfizierten  $I_{neu,i}$  in der  $i$ -ten Gruppe ergibt sich aus der Anzahl der Nichtinfizierten in der  $i$ -ten Gruppe und der Ansteckungsrate:

$$I_{neu,i} = B_i \cdot S_i \quad (8.11)$$

### 8.3.3 Die Neuerkrankungen

Aufgrund der langen Inkubationszeit bei AIDS kann nicht von einer konstanten Konvertierungsrate von infiziert nach krank ausgegangen werden. Es kommt zu einem sogenannten transienten Effekt. Man kann davon ausgehen, dass die Inkubationszeit in etwa Gauss-verteilt ist. Zu Beginn der Epidemie erkranken daher zuerst

die Personen mit unterdurchschnittlich langer Inkubationszeit. Erst im Laufe der Zeit normalisiert sich die mittlere Inkubationszeit hin zum Erwartungswert der Verteilung. Dadurch bedingt erkranken anfangs überdurchschnittlich viele Personen. Die folgende Abnahme der Erkrankungszahlen geht aber nicht auf ein Abklingen der Epidemie zurück, sondern ist eine logische Folge des transienten Effekts (Abbildung 8.4). Um diesem Verlauf seit Beginn der Epidemie gerecht zu werden, wird

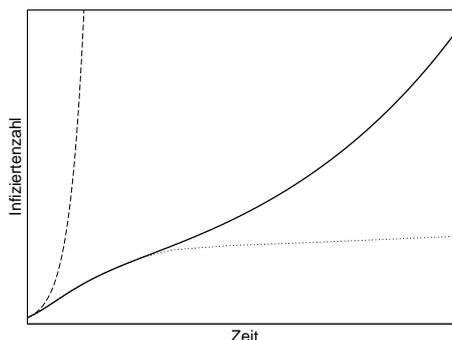


Abbildung 8.4: Qualitativer Verlauf der Infiziertenzahlen (schwarz). Aufgrund des transienten Effekts wird die Epidemie anfangs überschätzt (gestrichelt). Die tatsächliche Verringerung der Neuerkrankungen wird fälschlicherweise als Abklingen der Epidemie interpretiert (gepunktet).

die Dauer der Infektion berücksichtigt. Ist  $v$  die Wahrscheinlichkeitsdicht für die Inkubationszeit, so erhält man die Zahl der Neuerkrankten der  $i$ -ten Gruppe  $R_{neu,i}$  durch (muss für das Modell noch diskretisiert werden):

$$R_{neu,i}(t) = \int_0^t I_{neu,i}(s) \cdot v(t-s) ds \quad (8.12)$$

### 8.3.4 Reaktion der Bevölkerung

Die Modellbevölkerung reagiert auf zwei verschiedene Weisen auf den Verlauf der Epidemie:

1. Veränderung der Kontaktzahl
2. Veränderung der Ansteckungswahrscheinlichkeit

Im ersten Fall wird angenommen, dass bei zunehmendem Bewusstsein für die Gefahr ein Teil der Bevölkerung die Anzahl ungeschützter Kontakte verringert. Es findet eine „Wanderung“ in eine Gruppe mit geringerer Kontaktzahl statt. Im zweiten Fall wird angenommen, dass das Ansteckungsrisiko pro Kontakt verringert wird.

Die Reaktion erfolgt jeweils aufgrund der aktuellen Neuerkrankungszahlen und dem bisherigen Gesamtverlauf der Epidemie.

### 8.3.5 Simulationsergebnisse

Die Simulationsergebnisse Abbildung 8.5 zeigen, dass die Berücksichtigung der Reaktion auf die Fallzahlen zu wesentlich realistischeren Ergebnissen führt.

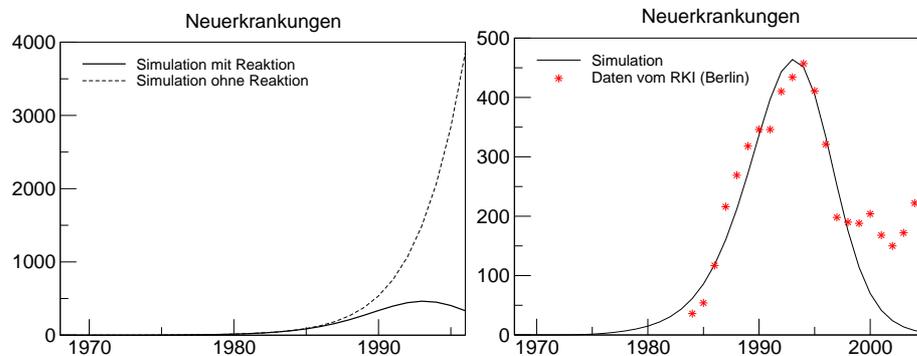


Abbildung 8.5: Modellergebnisse mit dem AIDS-Modell AiMo. Dargestellt sind jeweils die Zahl der Neuerkrankungen in den Jahren bis 1995 mit Berücksichtigung der Reaktion der Bevölkerung auf die Fallzahlen der vergangenen Jahre (rechts, solide) und ohne Reaktion der Bevölkerung (rechts, gestrichelt) für eine Bevölkerungsgröße, die der von Berlin entspricht. Der Vergleich mit den Fallzahlen für Berlin (Quelle:RKI) bis zum Jahr 2004 (rechts) zeigt eine gute Übereinstimmung bis Ende der neunziger Jahre.

An den Simulationsergebnissen ab Ende der neunziger Jahre erkennt man, dass es weitere Faktoren geben muss, die den Epidemieverlauf maßgeblich beeinflussen. Aufgrund der langen Inkubationszeit muss die Ursache für den veränderten Epidemieverlauf viele Jahre zurückliegen. Betrachtet man speziell die Fallzahlen von Berlin, so könnte der veränderte Epidemieverlauf mit dem Mauerfall zusammenhängen. Demoskopische Daten zeigen, dass die Fallzahlen im Osten zu dieser Zeit vermutlich deutlich unter denen des Westens lagen. Dies lässt vermuten, dass AIDS in den Ost-Medien weniger stark thematisiert wurde. Desweiteren könnte es sein, dass aufgrund der einschneidenden politischen Ereignisse das Bewußtsein für die Gefahr einer HIV-Infektion in den Hintergrund getreten ist. Nimmt man dies an und geht davon aus, dass Anfang der neunziger Jahre sich das Bewußtsein für die Epidemie erst wieder neu aufbauen musste, so erhält man deutlich bessere Ergebnisse (Abbildung 8.6).

Man darf natürlich nicht den Fehler machen, aufgrund der Übereinstimmung von Daten und Simulation zu schliessen, dass ein verändertes Bevölkerungsbewußtsein tatsächlich die Ursache für den veränderten Epidemieverlauf ist. Das Ergebnis darf man allerhöchstens als Hinweis werten, dass die Untersuchung der demoskopischen Daten auf Hinweise, die für ein verändertes Verhalten sprechen, sinnvoll ist.

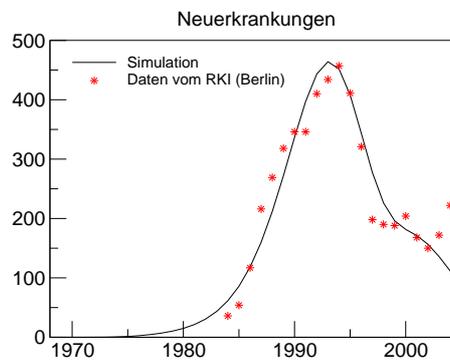


Abbildung 8.6: Modellergebnisse mit dem AIDS-Modell AiMo. Modellergebnis für die Anzahl der Neuerkrankungen (schwarz) in Berlin unter der Annahme, dass zur Zeit des Mauerfalls das Bewußtsein für die Gefahr eine HIV-Infektion herabgesetzt ist, verglichen mit den Fallzahlen für Berlin (rot, Quelle:RKI).



## 9 Zelluläre Automaten

Bei der Beschreibung von Prozessen in der Natur spielt nicht nur die Veränderung der Zustandsgrößen im Laufe der Zeit eine Rolle. Häufig möchte man zusätzlich auch Informationen über die räumliche Verteilung haben. Stellt man sich eine Rasenfläche vor, und möchte man die Grasmenge auf dieser Fläche modellieren, so kann man natürlich ein Modell entwickeln, das die Grasmenge auf dieser Fläche im Laufe der Jahreszeiten beschreibt. Dann hat man aber keinerlei Informationen darüber, ob auf dieser Rasenfläche an einigen Stellen braune Stellen oder dicke Grasbüschel existieren. Hierzu benötigt man ein Modell, das die Grasfläche räumlich beschreibt. Hierzu kann man die Rasenfläche zum Beispiel in Quadrate einteilen. Man kann nun Wachstumsregeln aufstellen, die das Graswachstum beschreiben. Ist z.B. ein Quadrat von braunen Stellen umgeben, d.h., dass auf den Nachbarquadraten sehr wenig Gras ist, so wird das Gras auch in der Mitte schlecht wachsen, da der Schutz vor Wind fehlt. Sind um ein Quadrat dicke Grasbüschel, so werden die Nährstoffe knapp und auch dann kann das Gras schlecht wachsen.

### 9.0.6 Conway's Life

Ein erstes solches Modell, genannt LIFE, wurde von Conway im Jahre 1970 zur Beschreibung einer fiktiven Bevölkerung beschrieben. Jedes Quadrat, auch Zelle genannt, kann hierbei zwei Zustände annehmen, tot (0) oder lebendig (1). Conway hat nun folgende Regeln aufgestellt:

1. Eine Zelle wird geboren, wenn sie drei lebende Nachbarn hat.
2. Eine Zelle bleibt am Leben, wenn sie zwei oder drei lebende Nachbarn hat.
3. Eine Zelle stirbt sie an Vereinsamung oder Überbevölkerung, wenn sie weniger als zwei oder mehr als drei lebende Nachbarn hat.
4. Nachbarn sind die 8 Zellen um eine Zelle herum.

Mit diesen Regeln ergeben sich interessante Ergebnisse. Es gibt Konstellationen, die sich über die Zeit nicht ändern, andere die Zyklen durchlaufen, welche die sich über das Feld bewegen (Gleiter) und solche, die in gewissen Abständen Gleiter aussenden.

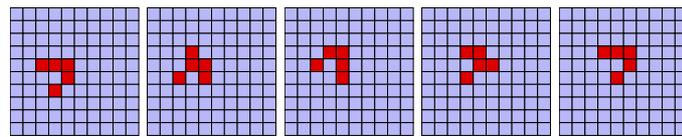


Abbildung 9.1: Gleiter in Life

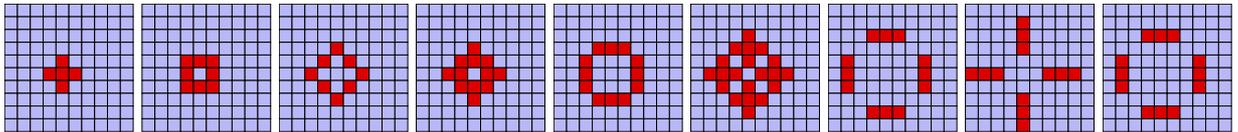


Abbildung 9.2: Zyklus in Life

### 9.0.7 Charakteristika von zellulären Automaten

Allgemein kann man die Charakteristika von zellulären Automaten wie folgt beschreiben:

- Entwicklung in Raum und Zeit
- diskrete Anzahl an Zellen
- endliche Anzahl an Zuständen für jede Zelle (kann man aufweichen)
- Änderung der Zustände in diskreten Zeitschritten
- Zustand hängt von den Nachbarzellen ( und evtl. der Zelle selbst) ab
- alle Zellen Verhalten sich nach den gleichen Regeln

#### Nachbarschaftsbeziehungen

Der Zustand einer Zelle hängt von den Zuständen seiner Nachbarn ab. Man kann verschiedene Nachbarschaftsbeziehungen betrachten.

- 4 Nachbarn (oben,unten, rechts und links)
- 8 Nachbarn (alle direkt angrenzenden Zellen)
- die Zelle selbst kann zu den Nachbarn gezählt werden
- entferntere Zellen werden hinzugenommen

#### Randbedingungen

Man kann die Ränder offen lassen, so dass die Randzellen einfach weniger Nachbarn haben. In diesem Fall wird der Zustand der Randzellen je nach Automat anders ausfallen als der der Zellen in der Mitte. Will man dies vermeiden schliesst man das Feld zu einem Torus. Dann haben alle Zellen gleich viele Nachbarn.

### 9.0.8 Zirkulärer Raum

Der zirkuläre Raum ist ein berühmtes Beispiel für Selbstorganisation. Nach einer geringen Anzahl von Schritten bilden sich Strukturen heraus.

- Es gibt  $N$  mögliche Zustände
- Der Zustand der Zelle wird um Eins erhöht, wenn mindestens ein Nachbar den Zustand der Zelle plus Eins hat.
- Jede Zelle hat 4 Nachbarn (links, rechts, oben und unten)
- Der Zustand 0 wird mit dem Zustand  $N$  gleichgesetzt

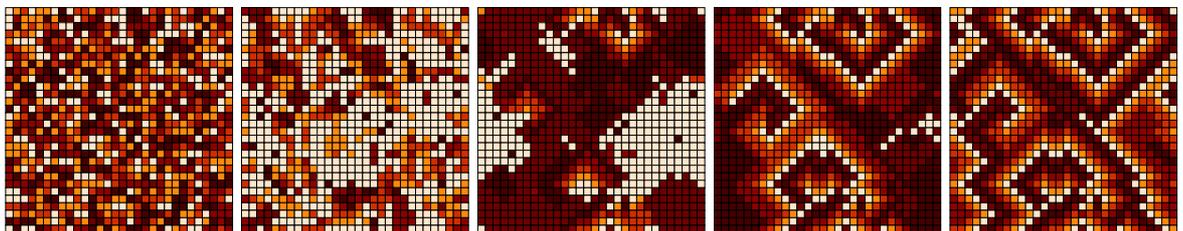


Abbildung 9.3: Selbstorganisation im zirkulären Raum mit  $N=6$  Zuständen. Zwischen den Bildern liegen jeweils 6 Generationen

### 9.0.9 Erweiterungen

Man kann neben diskreten Zuständen auch kontinuierliche Werte für die einzelnen Zellen zulassen. Damit lassen sich Prozesse wie Diffusion und Advektion (von lat. *advehi* = heranbewegen; bezeichnet allgemein das Heranführen von Dingen) darstellen. Advektion kann man als Strömung auffassen. Diffusion bezeichnet einen Durchmischungsprozess.

Die Transportprozesse können mit Differentialgleichungen gekoppelt werden (siehe Borkenkäferbeispiel aus der Vorlesung). Man kann so System von partiellen Differentialgleichungen approximieren.

**SmallBasic -Programm für Conway's Life**

```
' Anzahl der Zellen in einer Zeile
nmax=30
'Anzahl der Schritte
tmax = 100
RANDOMIZE(1)
'Initialisierung der Felder
DIM life(1 TO nmax,1 TO nmax)
DIM save(1 TO nmax,1 TO nmax)
'Skalierungsfaktor fuer die Ausgabe
scale=10
'Zufaelliger Anfangszustand
FOR i=1 TO nmax
  FOR j=1 TO nmax
    life(i,j)=int(2*RND)
  NEXT j
NEXT i
' Zeitschleife
FOR t=1 TO tmax
CLS
FOR i=1 TO nmax
  FOR j=1 TO nmax
    ' Ausgabe der lebenden Zellen
    IF life(i,j)=1 THEN  CIRCLE 100+scale*i,500 -scale*j , scale/2  FILLED
    ' Umspeichern
    save(i,j)=life(i,j)
    life(i,j)=0
  NEXT j
NEXT i

FOR i=1 TO nmax
  FOR j=1 TO nmax
'Bestimmung der Nachbarindizes
  k= i-1
  l= j-1
  m= i+1
```

```
n= j+1
' Setzen der Randindizes
  IF i=1 THEN k=nmax
  IF i=nmax THEN m=1
  IF j=1 THEN l=nmax
  IF j=nmax THEN n=1
' Bestimmung der Nachbarn von i,j
  nachbarn= save(k,l)+save(i,l)+save(m,l)+save(k,j)
  nachbarn=nachbarn+save(m,j)+save(k,n)+save(i,n)+save(m,n)
'Eine Zelle wird bei 3 Nachbarn geboren
'und ueberlebt bei 2 oder 3 Nachbarn
  IF nachbarn=3 THEN life(i,j)=1
  IF nachbarn=2 THEN life(i,j)=save(i,j)
  NEXT j
NEXT i
NEXT t
END
```



## A Differentialgleichungen

### Ersetzt nicht die Vorlesung zu Differentialgleichungen !!!

In einer Differentialgleichung (DGL) wird eine (unbekannte) Funktion mit ihren Ableitungen verknüpft, z.B.

$$\frac{dy(x)}{dx} = y(x) \quad (\text{A.1})$$

### Gewöhnliche Differentialgleichungen 1. Ordnung

Eine Gleichung der Form

$$\frac{dy(x)}{dx} = f(x, y(x)) \quad (\text{A.2})$$

heisst gewöhnliche Differentialgleichung 1. Ordnung.

**1.Ordnung:** es tauchen keine höheren Ableitungen nach x auf

**gewöhnlich:** es gibt nur die Ableitung nach der unabhängigen Variablen x

#### Modellierungstechnisch gesprochen:

Die DGL ist eine Vorschrift, die die Änderung einer Zustandsvariablen y bezüglich x angibt.

Eine Funktion, die die DGL erfüllt, heisst Lösung der DGL.

Eine DGL zu lösen bedeutet, Funktionen y zu finden, die der Vorschrift

$$\frac{dy(x)}{dx} = f(x, y(x)) \text{ genügen.}$$

Ist die unabhängige Variable die Zeit, schreibt man anstelle von x gerne t:

$$\frac{dy(t)}{dt} = f(t, y(t)) \quad \text{oder kürzer} \quad \frac{dy}{dt} = f(t, y) \quad \text{oder auch} \quad \dot{y} = f(t, y) \quad (\text{A.3})$$

Eine DGL heisst autonom, wenn f nicht explizit von der unabhängigen Variable x (bzw. t) abhängt:

$$\frac{dy}{dx} = f(y) \quad (\text{A.4})$$

z.B.

$$\frac{dy}{dx} = \alpha \cdot y \quad (\text{A.5})$$

sonst heisst sie nicht-autonom, z.B.

$$\frac{dy}{dx} = -x \cdot y \quad (\text{A.6})$$

Was kann man einer DGL ansehen?

Beispiel:  $\dot{y} = \alpha \cdot y$  Die Steigung (Ableitung) der Funktion  $y$  an der Stelle  $t$  ist proportional zum Funktionswert an der Stelle  $t$ .

Um dies zu visualisieren betrachtet man ein  $t, y$ -Koordinatensystem. Zu beliebig vielen Paaren  $(t, y)$ -Paaren zeichnet man nun die Steigung an diesem Punkt ein, indem man an  $(t, y)$  ein Linienelement mit der Steigung  $y' = f(t, y)$  einzeichnet (siehe Abbildung A.1). Ohne die Lösungen der DGL zu kennen, weiss man, dass eine Lösung, die durch einen Punkt  $(t, y)$  geht, das Linienelement als Tangente haben muss. Zeichnet man viele Linielemente, so kann man am Richtungsfeld den Verlauf der Lösungen „sehen“.

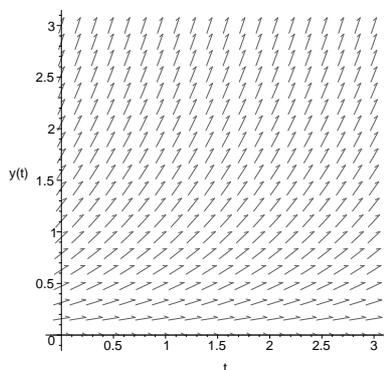


Abbildung A.1: Richtungsfeld von  $\dot{y} = y$ . Das Richtungsfeld ist  $t$ -translationsinvariant, da die DGL autonom ist.

**Frage:** Wie sieht eine Funktion aus, die in dieses Richtungsfeld passt?

**Beobachtung:** Es gibt viele Funktionen, die „passen“.

Die Lösungen stimmen entweder überein oder berühren sich nicht.

Zu jedem Anfangswert  $y(t_0) = y_0$  gibt es genau eine Lösung.

**Frage:** Ist das bei allen DGLn so ?

Nein, aber unter gewissen Voraussetzungen, ja! Weiter hilft hier der Satz von Picard-

Lindelöf (siehe Heuser: Differentialgleichungen):  $f$  muss Lipschitzbedingung für  $y$  erfüllen

**Anfangswertproblem (AWP):**

Gesucht ist eine Funktion  $y$ , die  $\frac{dy(t)}{dt} = f(t, y(t))$ ,  $y(t_0) = y_0$  genügt.

Das AWP zu lösen bedeutet, eine Lösung der DGL zu finden, die von  $(t_0, y_0)$  ausgehend in ihrem gesamten Verlauf auf das Richtungsfeld „passt“.

**Analytische Lösung des AWP**  $\dot{y} = \alpha \cdot y$ ,  $y(t_0) = y_0$

Separation der Variablen:

$$\frac{\dot{y}}{y} = \alpha$$

Integration beider Seiten:

$$\int_{t_0}^t \frac{y'(s)}{y} ds = \int_{t_0}^t \alpha ds$$

Substitution auf der linken Seite  $x = y(s)$ :

$$\int_{y(t_0)}^{y(t)} \frac{1}{x} ds = \alpha(t - t_0)$$

$$[\ln |x|]_{y(t_0)}^{y(t)} = \alpha(t - t_0)$$

$$\ln |y(t)| - \ln |y(t_0)| = \alpha(t - t_0)$$

$$\ln \left| \frac{y(t)}{y(t_0)} \right| = \alpha(t - t_0)$$

$$\left| \frac{y(t)}{y(t_0)} \right| = e^{\alpha(t-t_0)} > 0,$$

also gilt  $\left| \frac{y(t)}{y(t_0)} e^{-\alpha(t-t_0)} \right| = 1$ .

Da der Betrag eine stetige Abbildung ist und der Ausdruck in den Betragsstrichen nur -1 oder 1 sein kann, muss für  $y(t_0) > 0$  auch  $y(t) > 0$  f.a  $t$  gelten.

Damit ist

$$y(t) = y(t_0) e^{\alpha(t-t_0)}$$

die Lösung des Anfangswertproblems.

Die allgemeine Lösung der DGL lautet

$$y(t) = C e^{\alpha(t-t_0)},$$

wobei  $C$  eine freie Konstante ist.  $C$  ergibt sich für eine spezielle Lösung aus dem Anfangswert. Man kann zeigen, dass alle Lösungen der DGL diese Form besitzen. Eine Lösung einer DGL mit einer freien Konstanten heisst allgemeine Lösung, wenn sich jede Lösung der DGL in dieser Form schreiben lässt.

### Beispiel für eine DGL, deren Anfangswertproblem keine eindeutige Lösung hat

$$\dot{y} = 3 \sqrt[3]{y^2} = 3 y^{2/3}, \quad y(0) = 0$$

$$y_1(t) = 0 \text{ ist Lösung}$$

$$y_2(t) = t^3 \text{ ist Lösung, denn } \dot{y}_2(t) = 3t^2 \text{ und } 3 \cdot \left(\sqrt[3]{t^3}\right)^2 = 3t^2$$

### Lineare Differentialgleichungen

$\dot{y} + a(t)y = 0$  heisst homogene, lineare DGL (in  $y$ )

$\dot{y} + a(t)y = b(t)$  heisst inhomogene, lineare DGL (in  $y$ )

**Bemerkung:** Die inhomogene Gleichung ist streng genommen affin.  
Den Term  $b(t)$  nennt man auch Störung.

Beispiele:

$\dot{y} = \alpha y$  ist linear

$\dot{y} = \alpha y^2$  ist nicht linear

### Grundprinzipien bei linearen Differentialgleichungen

1. Überlagerungsprinzip (Superpositionsprinzip) bei homogenen linearen DGL:

Sind  $y_1, y_2$  Lösungen der homogenen DGL, so ist auch

$y_3 = \alpha y_1 + \beta y_2, \alpha, \beta \in \mathbb{R}$  Lösung.

Die Lösungsmenge ist ein Vektorraum !!

2. Ist  $y$  Lösung der inhomogenen DGL und  $z$  eine beliebige Lösung der zugehörigen homogenen DGL, dann ist  $y+z$  Lösung der inhomogenen DGL.

3. Sind  $y$  und  $w$  Lösungen der inhomogenen DGL, dann ist  $y-w$  Lösung der zugehörigen homogenen DGL.

## A.1 Numerisches Lösen von Differentialgleichungen

Die wenigsten Differentialgleichung, die man in der Modellierung aufstellt, lassen sich analytisch lösen. Man löst die Gleichungen daher numerisch. Dies bedeutet, dass man die Lösung Stück für Stück bestimmt. Gegeben sei das Anfangswertproblem:

$$y' = f(t, y(t)), \quad y(t_0) = y_0$$

### Euler Verfahren

Zuerst wird an der Stelle  $(t_0, y_0)$  die Steigung bestimmt. Es wird nun angenommen, dass sich die Steigung in einem kleinen Schritt  $h$  (Schrittweite) nicht ändert. Die Lösung wird also in dem Intervall  $[t, t+h]$  durch eine Gerade approximiert. Man erhält den approximativen Wert  $y_1$  zur Zeit  $t_1$ . Nun wird die Steigung an dieser Stelle bestimmt und so weiter:

$$y_{k+1} = y_k + hf(t_k, y_k) \quad k = 0, 1, \dots$$

Dieses Verfahren ist recht ungenau.

**Beispiel A.1.1** Gegeben ist das Anfangswertproblem  $y' = y$   $y(0) = 1$ , dessen explizite Lösung  $y(t) = e^t$  bekannt ist. Bestimmt man die Lösung zur Zeit  $T=10$  mit dem Euler-Verfahren und einer Schrittweite von  $h = 1$ , so erhält man als approximative Lösung 1024. Der exakte Wert beträgt (auf 2 Nachkommastellen gerundet) 22026,47.

## Fehlerabschätzung

Wie groß ist der Fehler, den man beim numerischen Lösen macht? Hierzu betrachtet man das Taylorpolynom von  $y$ :

$$\begin{aligned} y(t+h) &= \sum_{k=0}^n \frac{1}{k!} y^{(k)}(t) \cdot h^k + \frac{1}{(n+1)!} \cdot y^{(n+1)}(\xi) \cdot h^{n+1} \quad \xi \in [t, t+h] \\ &= p_n(t) + R_n(t) \end{aligned}$$

Wird anstelle der exakten Lösung  $y(t)$  das Taylorpolynom  $n$ -ten Grades betrachtet, so ist der Abbruchfehler in jedem Schritt proportional zu  $h^{n+1}$ .

Im Falle des Eulerverfahrens wird das Taylorpolynom 1. Grades betrachtet:

$$y(t+h) = y(t) + y'(t) \cdot h$$

Der Abbruchfehler ist also in jedem Schritt proportional zu  $h^2$ .

## Runge-Kutta-Verfahren 2. Ordnung (Verbessertes Euler-Verfahren)

Statt der Steigung an der Stelle  $t$  als Geradensteigung zu verwenden, werden die Steigungen in  $(t, y)$  und  $(t+h, y + f(t, y) \cdot h)$  gemittelt:

$$y_{k+1} = y_k + \frac{1}{2} h [f(t_k, y_k) + f(t_{k+1}, y_k + h f(t_k, y_k))] \quad k = 0, 1, \dots$$

## Runge-Kutta-Verfahren 4. Ordnung

Das bekannteste Verfahren approximiert die Lösung bis zur 4. Ordnung. Es wird wie folgt berechnet:

$$\begin{aligned} y_{k+1} &= y_k + \frac{1}{6} [a_1 + 2a_2 + 2a_3 + a_4] \quad k = 0, 1, \dots \\ a_1 &= h f(t_k, y_k) \\ a_2 &= h f\left(t_k + \frac{1}{2}h, y_k + \frac{1}{2}a_1\right) \\ a_3 &= h f\left(t_k + \frac{1}{2}h, y_k + \frac{1}{2}a_2\right) \\ a_4 &= h f(t_k + h, y_k + a_3) \end{aligned}$$

Dieses Verfahren ist in vielen Programmen implementiert.

### A.1.1 Verbesserungen

Bessere Verfahren sind implizite Verfahren, Verfahren mit einer automatischen Zeitschrittanpassung resp. Prediktor-Korrektor-Verfahren.



## B Zweidimensionale lineare Abbildungen

Betrachten wir zunächst die Abbildung

$$\begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a & b \\ c & d \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = A \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

Die quadratische Matrix  $A$  bildet den  $\mathbb{R}^2$  in sich selbst ab.

Eine solche Abbildung setzt sich aus Drehungen, Scherungen, Streckungen, Projektionen und Spiegelungen zusammen:

$$\text{Drehung} \quad \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \varphi & -\sin \varphi \\ \sin \varphi & \cos \varphi \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

$$\text{Scherung} \quad \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & b \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

$$\text{Streckung} \quad \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a & 0 \\ 0 & d \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

$$\text{Projektion} \quad \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

$$\text{Spiegelung} \quad \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix}$$

Die Determinante  $\det A = ad - bc$  der Matrix  $A$  gibt an, um welchen Faktor die Fläche des Einheitsquadrats bei Abbildung vergrößert bzw. verkleinert wird. Enthält die Abbildung eine Spiegelung, wechselt das Vorzeichen. Enthält die Matrix eine Projektion, verschwindet die Determinante.

Betrachtet man die Bilder verschiedener Vektoren unter einer Matrix, so stellt man fest, dass sie i.a. um verschiedene Winkel gedreht und um verschiedene Faktoren gestreckt werden. Die Frage ist, inwieweit es Vektoren gibt, die nur gestreckt, aber nicht gedreht werden. Wird ein Vektor nicht gedreht, so wird jeder Vektor, der in dieselbe Richtung (oder in die entgegengesetzte Richtung) zeigt, ebenfalls nicht gedreht. Diese Vektoren laufen entlang der sogenannten **Eigenrichtung** der Matrix. Jeder Vektor, der dies erfüllt (ausser der Nullvektor) heisst **Eigenvektor**.

Für jeden Vektor  $\vec{v}$  in Eigenrichtung kann die Matrix  $A$  also durch einen Faktor

$\lambda$  ersetzt werden, der den jeweiligen Streckungsfaktor angibt. Dieser Faktor heisst **Eigenwert** zu dieser Eigenrichtung.

Für einen Eigenvektor  $\vec{v}$  zum Eigenwert  $\lambda$  gilt

$$A \cdot \vec{v} = \lambda \cdot \vec{v}$$

oder anders mit der Einheitsmatrix  $I$  geschrieben:

$$(A - \lambda I) \cdot \vec{v} = \vec{0}$$

Diese Gleichung ist auch der Schlüssel, um die Eigenwerte zu finden, sie heisst Eigenwertgleichung.

Aus der Algebra ist bekannt: Ein lineares, homogenes Gleichungssystem mit einer quadratischen Matrix  $B$  hat genau dann eine nicht-triviale Lösung, wenn  $\det B = 0$  gilt, also hat die Eigenwertgleichung nur dann nicht-triviale Lösungen, wenn

$$p(\lambda) := \det(A - \lambda I) = 0$$

gilt.  $p(\lambda)$  heisst auch charakteristisches Polynom der Matrix  $A$ . Man findet die Eigenwerte, indem man die Nullstellen des charakteristischen Polynoms bestimmt. Im zweidimensionalen Fall gibt es höchstens zwei verschiedene Eigenwerte und man kann sie einfach bestimmen:

$$p(\lambda) = \det \begin{pmatrix} a - \lambda & b \\ c & d - \lambda \end{pmatrix} = (a - \lambda)(d - \lambda) - bc = \lambda^2 - (a + d)\lambda + ad - bc = 0$$

Mit  $\det A = ad - bc$  und  $\text{spur } A = a + d$  erhält man die Lösungen

$$\lambda_{1,2} = \frac{\text{spur } A}{2} \pm \sqrt{\frac{(\text{spur } A)^2}{4} - \det A}$$

Die Eigenvektoren erhält man, indem man für ein fest vorgegebenen Eigenwert die Eigenwertgleichung löst:

$$\begin{pmatrix} a - \lambda & b \\ c & d - \lambda \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = 0$$

Da die Eigenvektoren bis auf einen Faktor bestimmt werden können, kann man eine Komponente festlegen, und die andere bestimmen. Für  $b \neq 0$  kann man  $v_1 = b$  setzen und erhält den Eigenvektor  $\begin{pmatrix} b \\ \lambda - a \end{pmatrix}$ . Für  $c \neq 0$  kann man  $v_2 = c$  setzen und

erhält den Eigenvektor  $\begin{pmatrix} \lambda-d \\ c \end{pmatrix}$ . Für  $b = c = 0$  ist  $A$  eine Streckmatrix mit den Eigenwerten  $a$  und  $d$ . Die zugehörigen Eigenvektoren sind die Einheitsvektoren in x- bzw. y-Richtung. Gilt  $a = d$ , so ist  $A$  Vielfaches der Einheitsmatrix und jeder Vektor (ausser dem Nullvektor) ist Eigenvektor.



## C Stabilitätsanalyse autonomer Systeme (2D)

### C.1 System

$$\begin{aligned}\dot{X} &= f(X, Y) \\ \dot{Y} &= g(X, Y)\end{aligned}\tag{C.1}$$

### C.2 Stationäre Zustände

Man erhält die stationären Zustände des Systems C.1, indem

$$\begin{aligned}f(x, y) &= 0 \\ g(x, y) &= 0\end{aligned}\tag{C.2}$$

gesetzt wird, und die Lösungen  $(X^*, Y^*)$  dieses Gleichungssystems bestimmt werden.

### C.3 Geschlossene Bahnen

Im Gegensatz zu eindimensionalen Systemen können im zweidimensionalen Fall geschlossene Lösungsbahnen auftreten. Im Normalfall ist die geschlossene Bahn das Bild einer periodischen Lösung. Man nennt eine solche periodische Bahn **stabil**, wenn alle Bahnen, die in ihrer Nähe starten, zu dieser hinlaufen. Man nennt solche stabilen Bahnen auch **Grenzkreise**. Periodische Bahnen können auch instabil sein.

### C.4 Satz von Poincare

Bei autonomen Systemen mit zwei Zustandsvariablen läuft jede Bahn entweder

- auf einen stationären Zustand zu, oder
- nähert sich einer geschlossenen Kurve an, oder
- läuft nach unendlich

## C.5 Teilgleichgewichte

Betrachten wird die Menge aller Punkte für die  $\dot{X} = 0$  bzw.  $\dot{Y} = 0$  gilt:

$$\text{Teilgleichgewicht von X} = \{\dot{X} = 0\} = \{(X, Y) | f(X, Y) = 0\}$$

Das Teilgleichgewicht von X trennt die Bereiche des Zustandsraums, in denen die Bewegung nach rechts bzw. links erfolgt. Analog gilt

$$\text{Teilgleichgewicht von Y} = \{\dot{Y} = 0\} = \{(X, Y) | g(X, Y) = 0\}$$

Das Teilgleichgewicht von X trennt die Bereiche des Zustandsraums, in denen die Bewegung nach oben bzw. unten erfolgt.

Die Schnittpunkte der Teilgleichgewichte sind gerade die stationären Zustände.

### C.5.1 Stabilität stationärer Zustände

Die Stabilität eines stationären Zustands kann wie im eindimensionalen Fall untersucht werden. Man betrachtet hierzu das System als Vektor

$$\begin{pmatrix} \dot{X} \\ \dot{Y} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f(X, Y) \\ g(X, Y) \end{pmatrix} \quad (\text{C.3})$$

Analog zum eindimensionalen Fall entwickelt man die rechte Seite des Differentialgleichungssystems am stationären Zustand  $(X^*, Y^*)$  nach Taylor bis zum ersten Glied und erhält so das linearisierte System (ist für jeden stationären Zustand unterschiedlich!!):

$$\begin{pmatrix} \dot{x} \\ \dot{y} \end{pmatrix} = J(X^*, Y^*) \cdot \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \quad (\text{C.4})$$

Die Matrix  $J$  ist die Jacobi-Matrix:

$$J(X^*, Y^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f(X^*, Y^*)}{\partial X} & \frac{\partial f(X^*, Y^*)}{\partial Y} \\ \frac{\partial g(X^*, Y^*)}{\partial X} & \frac{\partial g(X^*, Y^*)}{\partial Y} \end{pmatrix} \quad (\text{C.5})$$

Das linearisierte System ist am stationären Zustand  $(X^*, Y^*)$  entwickelt und gibt die Abweichung (Störung) von diesem an. Zu linearen Abbildungen, Eigenwerten etc. siehe Anhang B.

Hat die Matrix  $J$  zwei verschiedene Eigenwerte  $\lambda_1$  und  $\lambda_2$ , so kann man eine allgemeine Lösung des linearen Systems C.4 angeben:

$$\vec{z}(t) = C_1 \cdot e^{\lambda_1 t} \cdot \vec{v}_1 + C_2 \cdot e^{\lambda_2 t} \cdot \vec{v}_2$$

Hierbei ist  $\vec{v}_1$  Eigenvektor zum Eigenwert  $\lambda_1$  und  $\vec{v}_2$  Eigenvektor zum Eigenwert  $\lambda_2$ ,  $C_1$  und  $C_2$  sind freie Konstanten.

Sind beide Eigenwerte reell so handelt es sich bei den Summanden entweder um exponentielles Wachstum oder exponentiellen Zerfall. Ist also einer der Eigenwerte größer null, wächst die Störung, der Zustand ist instabil. Sind beide Eigenwerte negativ, so verschwindet eine anfängliche Störung, der Zustand ist stabil.

Für einen komplexen Eigenwert  $\lambda = a + ib$  gilt

$$e^{\lambda t} = e^{(a+ib)t} = e^{at} \cdot e^{ibt} = e^{at} \cdot (\cos bt + i \sin bt)$$

Das System vollzieht also Schwingungen. Ist der Realteil  $a$  kleiner null, so verschwindet die Störung, ist der Realteil  $a$  größer null, so explodieren Störungen. Bei  $a = 0$  bleiben Störungen erhalten. Über die Stabilität des Ursprungssystems kann dann nicht entschieden werden.

Bezüglich der Stabilität des Systems C.1 gilt der folgende Satz:

**Satz C.5.1** Stabilität von stationären Zuständen autonomer Systeme

1. Der stationäre Zustand  $(X^*, Y^*)$  von C.1 ist asymptotisch stabil, falls alle Eigenwerte von negative Realteile besitzen.
2. Der stationäre Zustand  $(X^*, Y^*)$  ist instabil, falls mindestens ein Eigenwert einen positiven Realteil besitzt.
3. Sind alle Realteile aller Eigenwerte kleiner oder gleich null und mindestens ein Realteil gleich null, so kann nicht über die Stabilität des stationären Zustands  $(X^*, Y^*)$  entschieden werden.

Der Satz gilt auch für höherdimensionale autonome Systeme!

## C.6 Veranschaulichung des Systemverhaltens

Sind beide Eigenwerte reell und verschieden, so gibt es zwei Eigenrichtungen. Diese Richtungen sind selbst Lösungen und können von anderen Lösungen nicht überquert werden. Entlang der Eigenrichtungen bewegen sich die Lösungen in gerader Linie auf den stationären Zustand hin ( $\lambda < 0$ ) oder weg ( $\lambda > 0$ ). Die absolute Größe des Eigenwerts bestimmt dabei die Geschwindigkeit. Für Lösungen, die nicht auf einer Eigenrichtung starten gibt es Einflugschneisen. Für z.B.  $\lambda_1 = -0.1$  und  $\lambda_2 = -1$  bewegt sich das System zuerst schnell in Richtung von  $v_2$ , und dann langsam in Richtung von  $v_1$ .

Ist ein Eigenwert 0 so findet auf der zugehörigen Eigenrichtung keine Bewegung statt.

Sind die Eigenwerte komplex gibt es keine reellen Eigenrichtungen. Das System bewegt sich an keiner Stelle radial auf den stationären Zustand zu.

Für die Eigenwerte des Systems gilt

$$\lambda_{1,2} = \frac{\text{spur } A}{2} \pm \sqrt{\frac{(\text{spur } A)^2}{4} - \det A} =: \frac{\mu}{2} \pm \sqrt{\frac{\mu^2}{4} - D}$$

| Eigenwerte   | $\mu$     | $D$                       | Name    | Stabilität      | Beispiel   |
|--|-----------|---------------------------|---------|-----------------|--|
| $\lambda_2 < \lambda_1 < 0$                            | $\mu < 0$ | $0 < D < \frac{\mu^2}{4}$ | Knoten  | stabil          | $\begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 0.5 & -1 \end{pmatrix}$   |
| $\lambda_2 < 0 < \lambda_1$                            |           | $D < 0$                   | Sattel  | instabil        | $\begin{pmatrix} 0.5 & -1 \\ -1 & 0.5 \end{pmatrix}$ |
| $0 < \lambda_2 < \lambda_1$                            | $\mu > 0$ | $0 < D < \frac{\mu^2}{4}$ | Knoten  | instabil        | $\begin{pmatrix} 0.5 & 0.5 \\ -1 & 2 \end{pmatrix}$  |
| $\lambda_{1,2} \in \mathbb{C}, \text{Re}(\lambda) < 0$ | $\mu < 0$ | $D > \frac{\mu^2}{4}$     | Strudel | stabil          | $\begin{pmatrix} -1 & -1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}$    |
| $\lambda_{1,2} \in \mathbb{C}, \text{Re}(\lambda) = 0$ | $\mu = 0$ | $D > \frac{\mu^2}{4}$     | Wirbel  | marginal stabil | $\begin{pmatrix} 0 & -1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}$      |
| $\lambda_{1,2} \in \mathbb{C}, \text{Re}(\lambda) > 0$ | $\mu > 0$ | $D > \frac{\mu^2}{4}$     | Strudel | instabil        | $\begin{pmatrix} 1 & -1 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}$      |

Bei zusammenfallenden Eigenwerten und bei Eigenwerten, die Null werden, gibt es weitere Formen des Systemverhaltens, auf die hier nicht näher eingegangen wird.

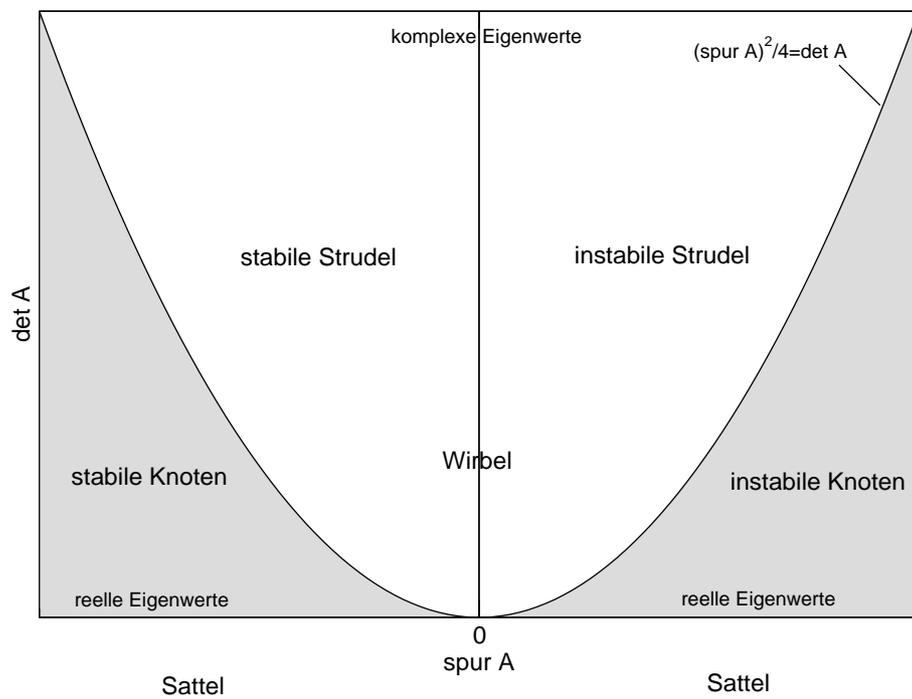


Abbildung C.1: Stabilität stationärer Zustände im zweidimensionalen System. Dargestellt sind nur die wesentlichen Fälle.