

Czy kojarzenie selektywne prowadzi do pojawiania się nowych gatunków?

Ryszard Rudnicki i Radosław Wieczorek

IM PAN i Uniwersytet Śląski

XLV Ogólnopolska Konferencja Zastosowań Matematyki
Zakopane-Kościelisko 12.09.2016

Plan wykładu:

1. wprowadzenie do modeli strukturalnych,
2. przypomnienie własności modelu z łączeniem losowym w pary,
3. model strukturalny (tzw. równanie ewolucyjne)
4. własności rozkładów (przetrwanie, stabilizacja lub ewolucyjne rozgałęzienie)

R. Rudnicki, R. Wieczorek, Does assortative mating lead to a polymorphic population? A toy model justification.

R. Rudnicki, P. Zwoleński, Model of phenotypic evolution in hermaphroditic populations, *J. Math. Biol.* **70** (2015), 1295–1321.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

1. Osobnik jest opisywany za pomocą parametru $x \in F \subset \mathbb{R}^n$ (wiek, dojrzałość, rozmiar etc.),
np. gdy x jest wiekiem osobnika – model demograficzny – Lotka-Sharpe (1911), McKendrick (1926), VonFoester (1959).

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

1. Osobnik jest opisywany za pomocą parametru $x \in F \subset \mathbb{R}^n$ (wiek, dojrzałość, rozmiar etc.),
np. gdy x jest wiekiem osobnika – model demograficzny – Lotka-Sharpe (1911), McKendrick (1926), VonFoester (1959).
2. $u(t, x)$ opisuje rozkład x w chwili t (lub $u_n(x)$ w n -tym pokoleniu).

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

1. Osobnik jest opisywany za pomocą parametru $x \in F \subset \mathbb{R}^n$ (wiek, dojrzałość, rozmiar etc.),
np. gdy x jest wiekiem osobnika – model demograficzny – Lotka-Sharpe (1911), McKendrick (1926), VonFoester (1959).
2. $u(t, x)$ opisuje rozkład x w chwili t (lub $u_n(x)$ w n -tym pokoleniu).
3. $\int_A u(t, x) dx$ – liczba osobników (biomasa) z $x \in A$.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

1. Osobnik jest opisywany za pomocą parametru $x \in F \subset \mathbb{R}^n$ (wiek, dojrzałość, rozmiar etc.),
np. gdy x jest wiekiem osobnika – model demograficzny – Lotka-Sharpe (1911), McKendrick (1926), VonFoester (1959).
2. $u(t, x)$ opisuje rozkład x w chwili t (lub $u_n(x)$ w n -tym pokoleniu).
3. $\int_A u(t, x) dx$ – liczba osobników (biomasa) z $x \in A$.
4. $N(t) = \int_G u(t, x) dx$ – liczba całkowita osobników w chwili t ,

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele strukturalne:

1. Osobnik jest opisywany za pomocą parametru $x \in F \subset \mathbb{R}^n$ (wiek, dojrzałość, rozmiar etc.),
np. gdy x jest wiekiem osobnika – model demograficzny – Lotka-Sharpe (1911), McKendrick (1926), VonFoester (1959).
2. $u(t, x)$ opisuje rozkład x w chwili t (lub $u_n(x)$ w n -tym pokoleniu).
3. $\int_A u(t, x) dx$ – liczba osobników (biomasa) z $x \in A$.
4. $N(t) = \int_G u(t, x) dx$ – liczba całkowita osobników w chwili t ,
5. $p(t, x) = \frac{u(t, x)}{N(t)}$ – profil wiekowy, rozmiarowy, dojrzałościowy, fenotypowy.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Model fenotypowy:

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Model fenotypowy:

1. model strukturalny, w którym parametrem jest cecha lub zespół cech fenotypowych,

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Model fenotypowy:

1. model strukturalny, w którym parametrem jest cecha lub zespół cech fenotypowych,
2. cechy fenotypowe nie zmieniają się w czasie życia osobnika i nie zależą od miejsca jego występowania.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Związki między fenotypem i genotypem:

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Związki między fenotypem i genotypem:

1. genotyp: układ alleli danego osobnika warunkujący jego właściwości dziedziczne,

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Związki między fenotypem i genotypem:

1. genotyp: układ alleli danego osobnika warunkujący jego właściwości dziedziczne,
2. fenotyp: zespół cech organizmu. Oddziaływanie między genotypem a środowiskiem daje fenotyp: $G \rightarrow F$,

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Związki między fenotypem i genotypem:

1. genotyp: układ alleli danego osobnika warunkujący jego właściwości dziedziczne,
2. fenotyp: zespół cech organizmu. Oddziaływanie między genotypem a środowiskiem daje fenotyp: $G \rightarrow F$,
3. dziedziczenie: $G \times G \rightarrow G$,

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Związki między fenotypem i genotypem:

1. genotyp: układ alleli danego osobnika warunkujący jego właściwości dziedziczne,
2. fenotyp: zespół cech organizmu. Oddziaływanie między genotypem a środowiskiem daje fenotyp: $G \rightarrow F$,
3. dziedziczenie: $G \times G \rightarrow G$,
4. łączenie w pary oraz konkurencja wewnątrz gatunkowa – na poziomie fenotypu.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

Modele bezpłciowe (aseksualne) – modele, w których nie wyróżnia się płci osobników. W szczególności dziedziczenie jest tylko po jednym rodzicu, ale populacja może być dwupłciowa.

Modele płciowe – uwzględniamy łączenie osobników w pary i dziedziczenie cech po obu rodzicach.

Wprowadzenie – uzgodnienie słownika

populacje monomorficzna – złożona z osobników o tych samych (podobnych) cechach fenotypowych.

populacja dymorficzna (polimorficzna) – gdy populacja podzielona jest na dwie (lub więcej) podpopulacje o innych cechach fenotypowych.

specjacja - powstawanie nowych gatunków (głównie z populacji dymorficznych)

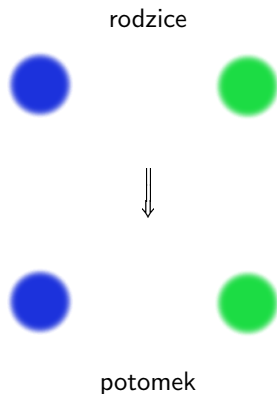
dynamika adaptacyjna zajmuje się matematycznym opisem zmian ewolucyjnych fenotypu w wyniku mutacji i naturalnej selekcji.

Dobór losowy

- ▶ każde dwa osobniki łączą się z tym samym prawdopodobieństwem w pary,
- ▶ po każdym połączeniu w pary rodzi się potomek,
- ▶ współczynnik urodzeń = współczynnik śmiertelności,
- ▶ potomek zaraz po narodzinach może brać udział w interakcjach,
- ▶ rozkład cech potomka $K(x, y, \cdot)$,
- ▶ $K(x, y, \cdot) = K(y, x, \cdot)$,

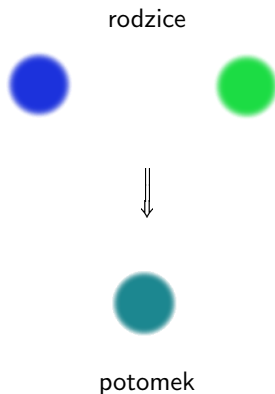
$$\int_x z K(x, y, dz) = \frac{x + y}{2}.$$

Dziedziczenie fenotypowe



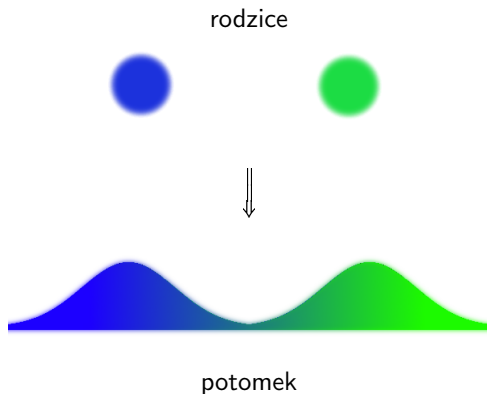
$$K(x, y, dz) = \frac{1}{2}(\delta_x + \delta_y)(dz)$$

Dziedziczenie fenotypowe



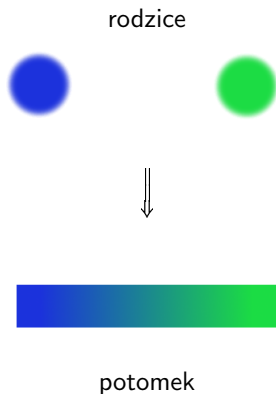
$$K(x, y, dz) = \delta_{\frac{x+y}{2}}(dz)$$

Dziedziczenie fenotypowe



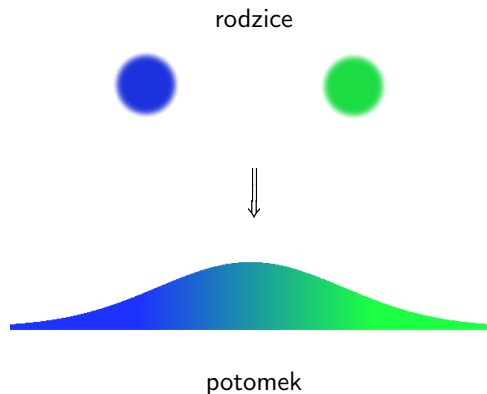
$K(x, y, dz)$ ma gęstość postaci $\frac{1}{2} \left(h(z - x) + h(z - y) \right)$

Dziedziczenie fenotypowe



$K(x, y, dz)$ ma gęstość postaci $\frac{1}{|x - y|} \mathbf{1}_{[x, y] \cup [y, x]}(dz)$

Dziedziczenie fenotypowe



$K(x, y, dz)$ ma gęstość postaci $h\left(z - \frac{x + y}{2}\right)$

μ_t jest miarą probabilistyczną dla $t > 0$ opisującą rozkład profilu fenotypowego

$$\frac{d}{dt}\mu_t(dz) + \mu_t(dz) = \underbrace{\int_F \int_F K(x, y, dz)\mu_t(dx)\bar{\mu}_t(dy)}_{\mathcal{P}\mu_t} \quad (1)$$

w losowym przypadku (+ operacja łączenia w pary w przypadku asortatywnym).

Własności asymptotyczne - założenia

Przyjmujemy, że F jest przedziałem, np. $F = [0, \infty)$ oraz

$$\int_F zK(x, y, dz) = \frac{x + y}{2}. \quad (2)$$

Własności asymptotyczne - założenia

Przyjmujemy, że F jest przedziałem, np. $F = [0, \infty)$ oraz

$$\int_F zK(x, y, dz) = \frac{x + y}{2}. \quad (2)$$

Jeżeli $\mathcal{K}(x, y, z) = K(x, y, F \cap (-\infty, z])$, wtedy

(i) dla każdego $a, b, y \in F$ mamy

$$\int_F \left| \frac{\partial}{\partial x} \mathcal{K}(a, y, z) - \frac{\partial}{\partial x} \mathcal{K}(b, y, z) \right| dz < 1, \quad (3)$$

Własności asymptotyczne - założenia

Przyjmujemy, że F jest przedziałem, np. $F = [0, \infty)$ oraz

$$\int_F zK(x, y, dz) = \frac{x + y}{2}. \quad (2)$$

Jeżeli $\mathcal{K}(x, y, z) = K(x, y, F \cap (-\infty, z])$, wtedy

(i) dla każdego $a, b, y \in F$ mamy

$$\int_F \left| \frac{\partial}{\partial x} \mathcal{K}(a, y, z) - \frac{\partial}{\partial x} \mathcal{K}(b, y, z) \right| dz < 1, \quad (3)$$

(ii) istnieją stałe $\alpha > 1$, $L < 1$ i $C \geq 0$ takie, że $\mu \in \mathcal{M}_{\alpha, q}$ mamy

$$\int_F |x|^\alpha \mathcal{P}\mu(dx) \leq C + L \int_F |x|^\alpha \mu(dx). \quad (4)$$

Własności asymptotyczne - twierdzenie

Przez \mathcal{M}_q dla $q \in \mathbb{R}$ oznaczamy zbiór miar borelowskich μ na F takich, że

$$\int_F z \mu(dz) = q$$

Twierdzenie

Ustalmy $q \in F$. Wtedy istnieje jedyna miara $\mu^ \in \mathcal{M}_{1,q}$ taka, że $\mathcal{P}\mu^* = \mu^*$ dla dowolnej miary początkowej $\mu_0 \in \mathcal{M}_{1,q}$ rozwiązanie μ_t , $t \geq 0$, równania (1) zmierza do μ^* w $\mathcal{M}_{1,q}$.*

Własności asymptotyczne - twierdzenie

Przez \mathcal{M}_q dla $q \in \mathbb{R}$ oznaczamy zbiór miar borelowskich μ na F takich, że

$$\int_F z \mu(dz) = q$$

Twierdzenie

Ustalmy $q \in F$. Wtedy istnieje jedyna miara $\mu^ \in \mathcal{M}_{1,q}$ taka, że $\mathcal{P}\mu^* = \mu^*$ dla dowolnej miary początkowej $\mu_0 \in \mathcal{M}_{1,q}$ rozwiązanie μ_t , $t \geq 0$, równania (1) zmierza do μ^* w $\mathcal{M}_{1,q}$.*

Idea dowodu:

(i) $\Rightarrow d(\mu_t, \bar{\mu}_t) < d(\mu_r, \bar{\mu}_r)$ dla $t > r$,

Własności asymptotyczne - twierdzenie

Przez \mathcal{M}_q dla $q \in \mathbb{R}$ oznaczamy zbiór miar borelowskich μ na F takich, że

$$\int_F z \mu(dz) = q$$

Twierdzenie

Ustalmy $q \in F$. Wtedy istnieje jedyna miara $\mu^ \in \mathcal{M}_{1,q}$ taka, że $\mathcal{P}\mu^* = \mu^*$ dla dowolnej miary początkowej $\mu_0 \in \mathcal{M}_{1,q}$ rozwiązanie μ_t , $t \geq 0$, równania (1) zmierza do μ^* w $\mathcal{M}_{1,q}$.*

Idea dowodu:

(i) $\Rightarrow d(\mu_t, \bar{\mu}_t) < d(\mu_r, \bar{\mu}_r)$ dla $t > r$,

(ii) \Rightarrow relatywną zwartość orbit rozwiązań z $\mu_0 \in \mathcal{M}_{\alpha,q}$.

Przykłady:

1. Zaburzenie addytywne: Niech x i y będą fenotypami rodziców. Zakładamy, że potomstwo ma fenotyp

$$\frac{x + y}{2} + Z,$$

gdzie Z jest symetryczną zmienną losową, ma gęstość i skończony drugi moment.

Przykłady:

1. Zaburzenie addytywne: Niech x i y będą fenotypami rodziców. Zakładamy, że potomstwo ma fenotyp

$$\frac{x + y}{2} + Z,$$

gdzie Z jest symetryczną zmienną losową, ma gęstość i skończony drugi moment.

1. Zaburzenie multiplikatywne:

$$(x + y)Z,$$

gdzie Z jest zmienną losową o wartościach w przedziale $[0, 1]$ i średniej $1/2$.

Dobór asortatywny (kojarzenie selektywne)

Osobniki z podobnymi cechami łączą się częściej niż gdyby wybierały partnera losowo.

Dobór asortatywny może być modelowany

1. przy użyciu teorii dopasowania, która bazuje na listach preferencji,
2. przy użyciu funkcji preferencji $a(x, y)$.

Np.: $a(x, y) = \varphi(\|x - y\|)$, dla pewnej funkcji malejącej φ .

Interesujące jest zagadnienie asymptotycznego zachowania ewolucji profilu fenotypowego populacji z łączeniem preferencyjnym, t.j. opisanym równaniem

$$\frac{d}{dt}\mu_t(dz) + \mu_t(dz) = \int_X \int_X m(x, y, \mu_t) K(x, y, dz) \mu_t(dx) \mu_t(dy),$$

gdzie $m(x, y, \mu) = \frac{a(x, y)}{2 \int_X a(x, r) \mu(dr)} + \frac{a(x, y)}{2 \int_X a(y, r) \mu(dr)}$.

Assortative discrete-time model

Discrete-time model

population of n organisms

with traits x_1, \dots, x_n from some bounded set $F \subset \mathbb{R}$.

- ▶ mating:

- ▶ organisms with traits x_i i x_j mate with probability

$$m(x_i, x_j) = \frac{\psi(x_i, x_j) + \psi(x_j, x_i)}{2n}$$

$\psi(x, y)$ — preference function.

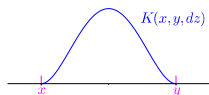
- ▶ probability of self-fertilization/vegetative reproduction

$$m(x_i, x_i) = 1 - \sum_{j \neq i} m(x_i, x_j)$$

- trait inheritance: offspring's trait given by random variable

$\zeta_{x,y} = \frac{x+y}{2} + \frac{|x-y|}{2} \xi_{x,y}$, where $\mathbb{E}\xi_{x,y} = 0$, $\mathbb{E}\xi_{x,y}^2 \leq c < 1$.

$K(x, y, dz)$ — distribution of $\zeta_{x,y}$.



Model on measures

Discrete-time model given by operator on measures.

$F \subset \mathbb{R}$ — bounded interval — set of traits

μ — trait distribution

$$\begin{aligned} P\mu(dz) &= \\ &= \int_F \int_F \psi(x, y) K(x, y, dz) \mu(dx) \mu(dy) \\ &\quad + \int_F \int_F \left(\frac{1}{2} \delta_x(dz) + \frac{1}{2} \delta_y(dz) \right) (1 - \psi(x, y)) \mu(dx) \mu(dy) \end{aligned}$$

$\psi(x, y)$ — preference function

$\zeta_{x,y} = \frac{x+y}{2} + \frac{|x-y|}{2} \xi_{x,y}$, where $\mathbb{E}\xi_{x,y} = 0$ and $\mathbb{E}\xi_{x,y}^2 \leq c < 1$.

$K(x, y, dz)$ — trait distribution of a child of x and y parents

Convergence theorem

$$\begin{aligned} P\mu(dz) &= \\ &= \int_F \int_F \psi(x, y) K(x, y, dz) \mu(dx) \mu(dy) \\ &\quad + \int_F \int_F \left(\frac{1}{2} \delta_x(dz) + \frac{1}{2} \delta_y(dz) \right) (1 - \psi(x, y)) \mu(dx) \mu(dy) \end{aligned}$$

$$\mathcal{M}_{\delta, d} = \{ \nu \in \mathcal{M} : \nu = c_1 \delta_{x_1} + \dots + c_n \delta_{x_n}, \quad |x_i - x_j| \geq d \text{ if } i \neq j, \quad n \in \mathbb{N} \}.$$

Theorem

Assume that $\psi(x, y) > 0$ if $|x - y| < d$.

Then for any measure $\mu_0 \in \mathcal{M}$ the sequence $(P^n \mu_0)$ converges weakly to some measure $\nu \in \mathcal{M}_{\delta, d}$ (ν depends on μ_0).

Moreover $\int_F x \nu(dx) = \int_F x \mu_0(dx)$.

Proof-steps

1. $\int_F z^k P\mu(dz) \leq \int_F z^k \mu(dz)$ for all $k \geq 0$ and $\mu \in \mathcal{M}$.

2. $0 \leq m_2(P^{m+1}\mu) \leq m_2(\mu) - \frac{1}{4}(1-c) \sum_{n=0}^m a_n$,
where $a_n = \int_F \int_F (x-y)^2 \psi(x,y) \mu_n(dx) \mu_n(dy)$.

3. Thus $\int_F \int_F (x-y)^2 \psi(x,y) \nu(dx) \nu(dy) = 0$.

4. Consequently, $\nu \in \mathcal{M}_{\delta,d}$.

Operator on densities

We consider case $K(x, y, dz) = \delta_{\frac{x+y}{2}}(dz)$, and

$$\psi(x, y) = \varphi(|x - y|).$$

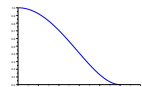
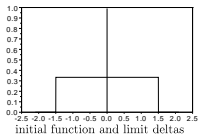
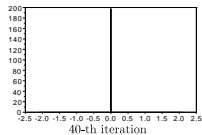
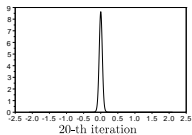
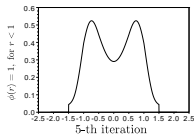
Then

$$\begin{aligned} Pf(x) &= 2 \int \varphi(|2x - 2y|) f(y) f(2x - y) dy \\ &\quad + \int (1 - \varphi(|x - y|)) f(x) f(y) dy \end{aligned}$$

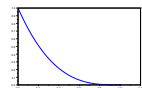
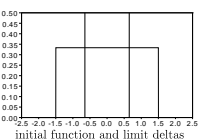
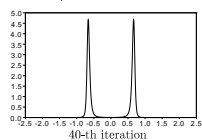
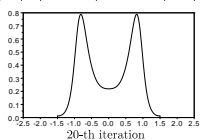
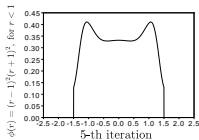
For some family of φ and initial densities we **proved** that the limit distributions are combinations of two δ -functions.

$F = [-1.5, 1.5]$, μ – uniformly distributed on F .

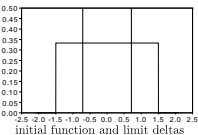
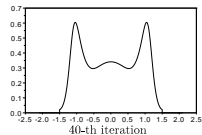
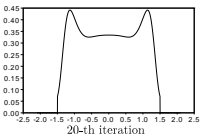
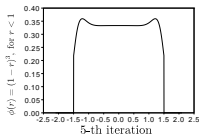
$\phi(r) = 1$, for $r < 1$



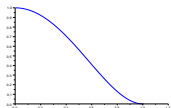
$\phi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2$, for $r < 1$



$\phi(r) = (1 - r)^3$, for $r < 1$

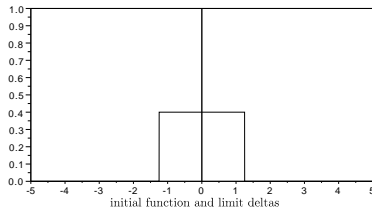
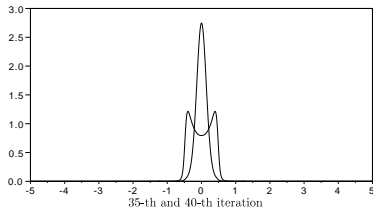
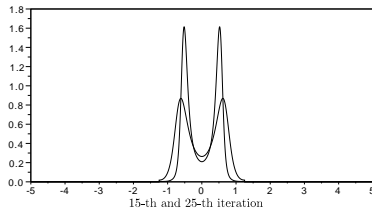
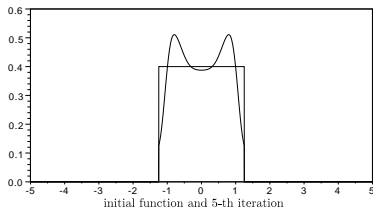


Different spread of initial trait

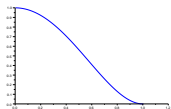


$$\varphi(r) = (r-1)^2(r+1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

$$f_0(x) = \frac{1}{2.5} \mathbf{1}_{[-1.25, 1.25]}$$

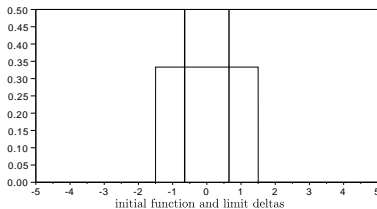
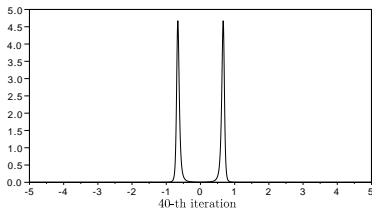
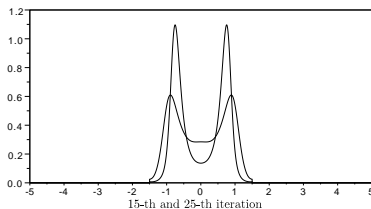
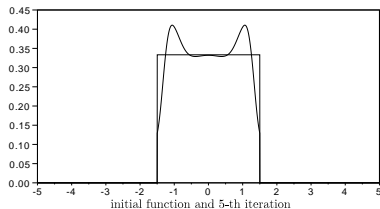


Different spread of initial trait

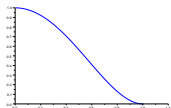


$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

$$f_0(x) = \frac{1}{3} \mathbf{1}_{[-1.5, 1.5]}$$

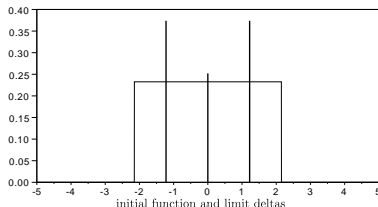
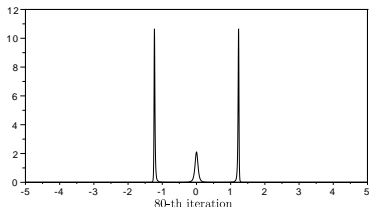
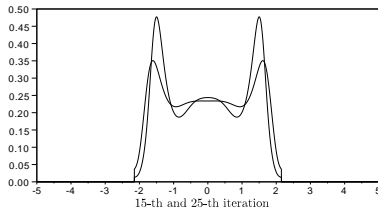
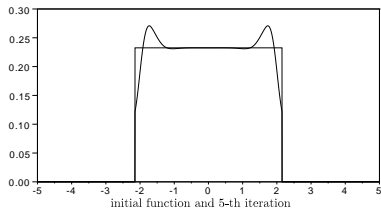


Different spread of initial trait

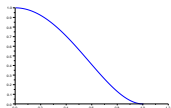


$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

$$f_0(x) = \frac{1}{4.3} \mathbf{1}_{[-2.15, 2.15]}$$

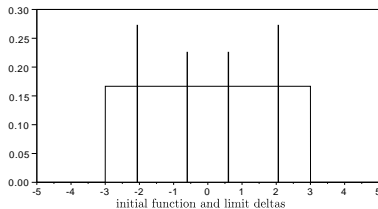
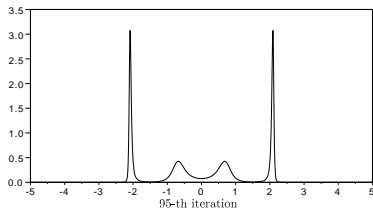
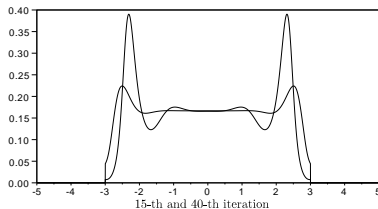
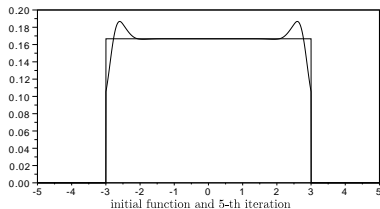


Different spread of initial trait



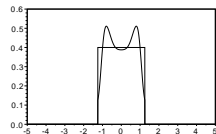
$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

$$f_0(x) = \frac{1}{6} \mathbf{1}_{[-3,3]}$$

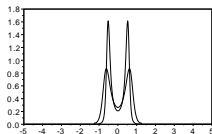


Different spread of initial trait

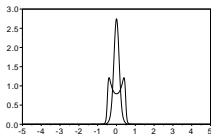
$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$



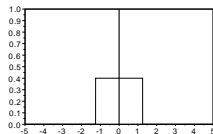
initial function and 5-th iteration



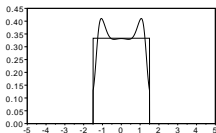
15-th and 25-th iteration



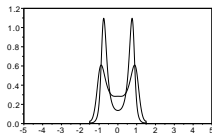
35-th and 40-th iteration



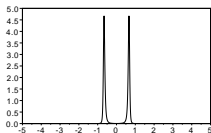
initial function and limit deltas



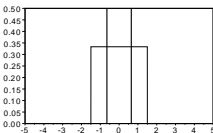
initial function and 5-th iteration



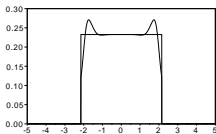
15-th and 25-th iteration



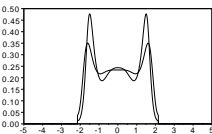
40-th iteration



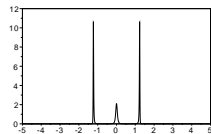
initial function and limit deltas



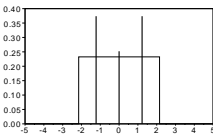
initial function and 5-th iteration



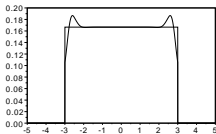
15-th and 25-th iteration



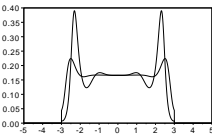
80-th iteration



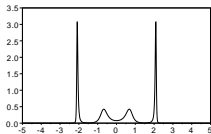
initial function and limit deltas



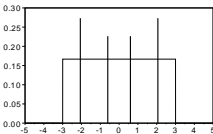
initial function and 5-th iteration



15-th and 40-th iteration

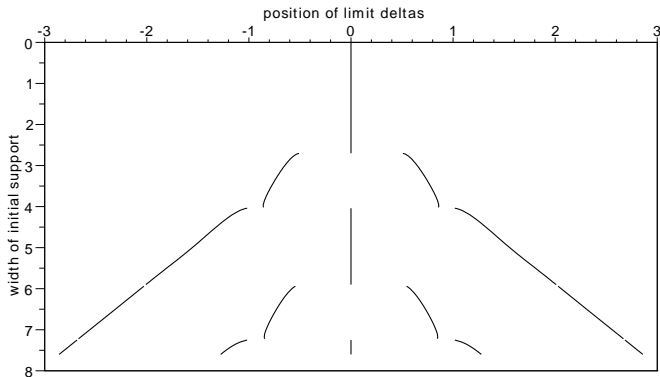


95-th iteration



initial function and limit deltas

“Bifurcation diagram”



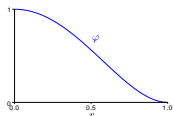
How the limit delta's positions depend on the spread of initial trait.

Offspring's trait distributed around average parental trait Distribution does not depend on distance of parental traits

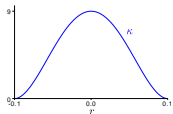
We consider the operator:

$$Pf(x) = \iint \varphi(|z - y|) \kappa \left(x - \frac{z + y}{2} \right) f(z) f(y) dz dy \\ + \int (1 - \varphi(|x - y|)) f(x) f(y) dy,$$

where



$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

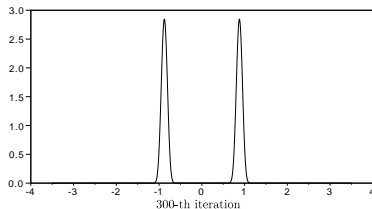
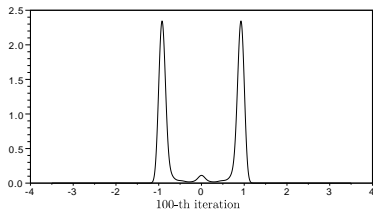
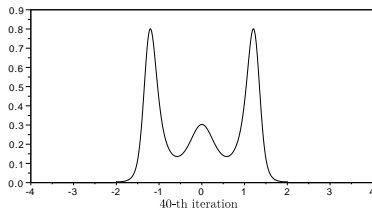
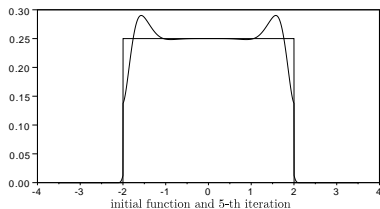


$$\kappa(r) = C_a(r - a)^2(r + a)^2, \text{ for } |r| \leq a$$

Offspring's trait distributed around average parental trait

Distribution does not depend on distance of parental traits

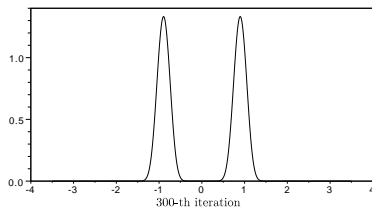
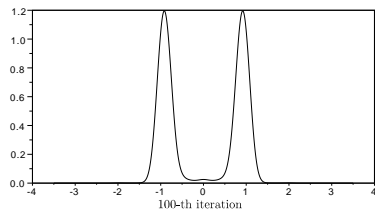
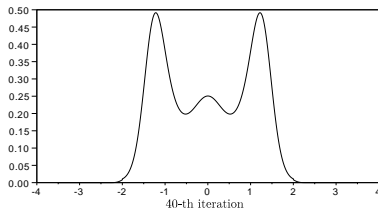
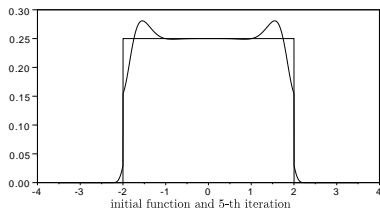
$$\kappa(r) = C_{0.125}(r - 0.125)^2(r + 0.125)^2, \text{ for } r \leq 0.125$$



Offspring's trait distributed around average parental trait

Distribution does not depend on distance of parental traits

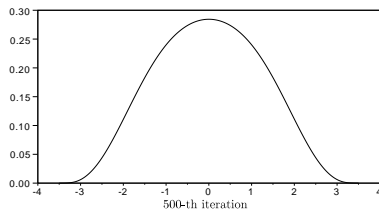
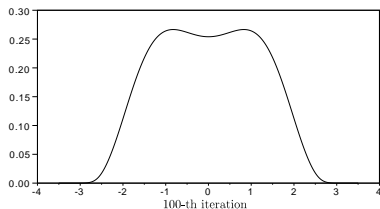
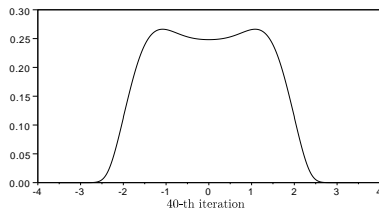
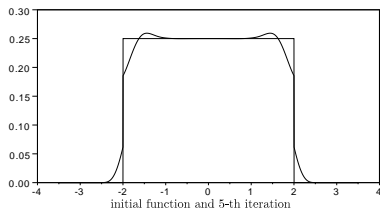
$$\kappa(r) = C_{0.25}(r - 0.25)^2(r + 0.25)^2, \text{ for } r \leq 0.25$$



Offspring's trait distributed around average parental trait

Distribution does not depend on distance of parental traits

$$\kappa(r) = C_{0.5}(r - 0.5)^2(r + 0.5)^2, \text{ for } r \leq 0.5$$

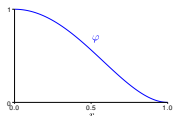


Mutations

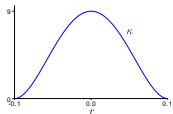
Consider operator in which all offsprings' trait is distributed according to the same fixed distribution:

$$Pf(x) = \iint \varphi(|z - y|) \kappa\left(x - \frac{z + y}{2}\right) f(y)f(z) dydz, \\ + \iint (1 - \varphi(|z - y|)) \kappa(x - y) f(y)f(z) dydz,$$

where



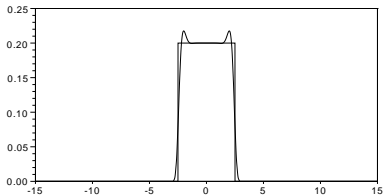
$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$



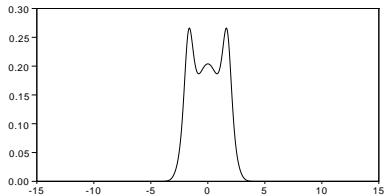
$$\kappa(r) = C_a(r - a)^2(r + a)^2, \text{ for } |r| \leq a$$

$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

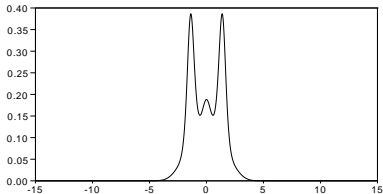
$$\kappa(r) = C_{0.1}(r - 0.1)^2(r + 0.1)^2, \text{ for } r \leq 0.1$$



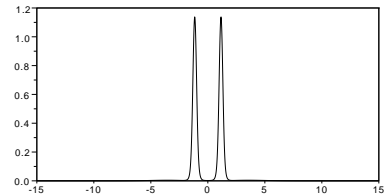
initial function and 5-th iteration



40-th iteration



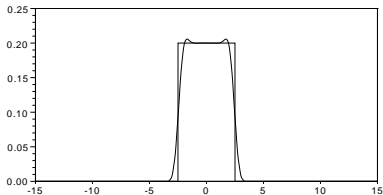
100-th iteration



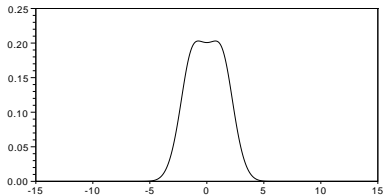
800-th iteration

$$\varphi(r) = (r - 1)^2(r + 1)^2, \text{ for } r \leq 1$$

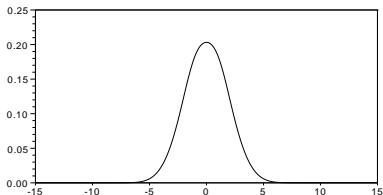
$$\kappa(r) = C_{0.2}(r - 0.2)^2(r + 0.2)^2, \text{ for } r \leq 0.2$$



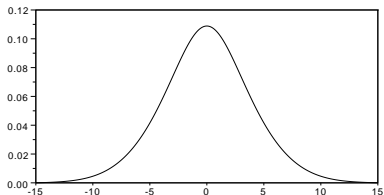
initial function and 5-th iteration



40-th iteration



100-th iteration



800-th iteration