

基于随机梯度下降和元胞自动机的真菌分解建模

真菌在生态系统中起着分解者的重要作用。然而，真菌生长和分解的效率受到环境和不同种类真菌之间相互作用的影响。因此，研究影响真菌活性的因素具有重要意义。

在本文中，我们建立了影响真菌伸展速率和分解速率的因素之间的关系模型。基于这些关系模型，我们引入了细胞自动机模型来模拟多种真菌的生长和分解。

具体来说，我们首先建立了扩展率模型。延伸率被建模为与温度和湿度的阿伦尼斯关系。在扩展速率模型的基础上，建立了分解速率模型。分解速率由延伸速率和水分权衡决定，其中这种关系是非线性的。为了估计非线性分解率模型中的参数，我们建立了一个适合收集的分解率数据的优化模型。利用随机梯度下降(SGD)算法求解非线性优化问题。稳定的收敛行为表明了算法的有效性。

基于分解速率模型，我们建立了细胞自动机模型来模拟真菌的生长和分解。利用扩展率和分解率来确定元胞自动机的规则。模拟结果表明，在相同的环境下，不同种类的真菌在最初的5-10天内数量显著增加。然后，在延长约10天后，真菌的数量在一定程度上减少，然后在约40天后稳定下来。122天后的分解率为0.68。

接下来，我们通过竞争关系来描述不同种类真菌之间的相互作用。为了描述竞争关系，我们提出了一个定义来衡量扩展率的降低。基于这一定义，我们建立了真菌相互作用下的细胞自动机模型，以模拟真菌相互作用时的活动。结果表明，在考虑相互作用后，不同类型真菌的数量显著减少，平均减少了33.65%。122天后的分解率为0.39，比没有竞争的情况下低42.69%。

然后，我们分析了真菌相互作用的影响。从短期来看，不同类型真菌之间的相互作用并不明显。从长远来看，由于营养物质的短缺，这种影响是显著的。然后，对模型的灵敏度进行了研究。我们证明，我们的模型对8%的温度和湿度变化很敏感。然后，对真菌与不同环境的组合进行了分析。获得了不同情况下的优势种和劣势种，如木霉在122天后成为热带雨林中的优势种，分解率为68.29%。最后，我们分析了生物多样性的重要性。结果表明，生物多样性对真菌的分解效率很重要，多物种下真菌的分解率是单一物种的2.89倍。

关键词：真菌分解，随机梯度下降，非线性，元胞自动机

目录

1 简介	2
1.1 问题背景。	2.
1.2 问题重述。	2.
1.3 文献综述。	3.
1.4 我们的工作。	3.
2 假设和注释	4
2.1 假设	4.
2.2 符号。	5.
3 模型和结果	5
3.1 分解率模型和参数估计。	5.
3.1.1 基于延展率和水分权衡的分解率。	6
3.1.2 基于温度和湿度的延伸率。	7.
3.1.3 基于湿度下限的湿度权衡。	7.
3.1.4 真菌分解率模型	8.
3.1.5 使用SGD的参数估计。	8.
3.2 故障过程的元胞自动机模型	10
3.2.1 细胞和真菌扩展之间的关系	10
3.2.2 细胞和真菌分解之间的关系	11
3.2.3 元胞自动机模型	12
3.2.4 型号解决方案	12
3.3 真菌相互作用下的细胞自动机模型	12
3.3.1 模型建立	13
3.3.2 型号解决方案	14
3.4 分析和实验结果	14
3.4.1 总体分析	15
3.4.2 不同真菌之间的相互作用	15
3.4.3 环境敏感分析	16
3.4.4 不同组合和区域下的模拟	17
3.5 物种多样性的影响	19
4 优势和劣势	20
4.1 优势	20
4.2 弱点	20
5 第二十一条	
参考文献	23

1 介绍

1.1 问题背景

森林生态系统中的物质循环包括两个相关过程：生物合成和生物降解[1]。前者是无机物的有机过程，主要由绿色植物和一些无机营养微生物完成。后者是有机物的无机过程，主要由森林微生物完成，是森林垃圾的分解过程。

森林垃圾不仅是生态系统的重要组成部分，也是植物和微生物所需能量的主要来源。森林垃圾含有不同的化学物质：纤维素、半纤维素、木质素、水溶性、醚溶性和醇溶性部分、蛋白质和矿物质[2]。真菌是参与土壤中各种有机物质分解的主要成员之一。许多真菌可以分解纤维素、半纤维素和其他类似的化合物。同时，真菌还可以分解含氮的蛋白质化合物，并具有很强的分解一些难降解物质（如木质素）的能力。因此，真菌在物质转化中起着重要作用[3]。

1.2 问题重述

真菌在木质纤维和地面垃圾的分解中起着关键作用。真菌在土壤生物群中具有独特的转运营养物质的能力，这一特性使它们能够在异质环境中建立广泛的菌丝网络，并利用可能在营养质量上存在显著差异的空间分离营养资源[4]。

菌丝是真菌的分支细胞，构成真菌的丝和结构。不同种类的菌丝在真菌的生命周期中扮演着不同的角色。菌丝体的伸长基本上是真菌的生长速率[5]。我们需要关注真菌的几个特征：真菌的生长速度、真菌对水分的耐受性和菌丝延伸率。基于上述理解，我们需要解决以下问题：

- 在存在多种真菌的情况下，需要建立真菌分解枯枝落叶和木质纤维的数学模型。
- 在该模型中，我们需要结合不同种类真菌之间的相互作用，这些真菌具有不同的生长速率和不同的耐湿性。
- 分析模型并描述不同类型真菌之间的相互作用。互动的动态特征和描述应包括短期和长期趋势。模型分析需要考虑对环境同时，我们需要确定大气趋势变化的总体影响，以评估当地天气模式变化的影响。
- 预测每个物种的相对优势和劣势以及可能的持久性物种组合，以及它们在不同环境中的地位，包括干旱、半干旱、温带、树栖和热带雨林。
- 描述系统中真菌群落的多样性如何影响系统分解地面垃圾的整体效率。预测生物多样性的重要性和作用。
- 写一篇两页的文章。这篇文章需要适合作为大学生物学的入门教材，讨论我们对真菌在生态系统中作用的理解的最新进展。

1.3 文献综述

真菌最明显的特征是分解者。根据Chen M R[6]，枯枝落叶分解一般包括三个阶段：浸出阶段、破碎阶段和有机物分解代谢阶段。其中，浸出阶段是指枯枝落叶中的可溶性物质被水冲走。物理粉碎，例如动物咀嚼、土壤干湿交替、冻融、降水等因素都会在不同程度上粉碎树木残留物[6, 7]。代谢是指将更复杂的有机化合物转化为简单的盐和水分子。

有机物的分解代谢通常是由微生物完成的。余淑玲

[8] 提出真菌，尤其是丝状真菌在枯枝落叶分解中起着重要作用。Findlay等人[1]指出，真菌的菌丝可以渗透到植物碎屑中，分泌胞外酶降解枯枝落叶中所含的难降解物质（如木质素），从而软化植物碎屑，改变枯枝落叶的结构和化学成分，有利于细菌等微生物的进一步定殖和土壤动物的饲养[9, 10]。

枯枝落叶的完全分解是在各种枯枝落叶分解酶的作用下完成的[11]。Dick[12]表明，枯枝落叶分解酶的活性与微生物生物量呈显著正相关。张瑞清等[13]测定了热带雨林枯枝落叶分解过程中与碳循环相关的多种酶，指出与碳循环有关的酶可作为有机物分解的重要指标。

王其兵等人[14]声称，枯枝落叶的分解速率会随着温度的升高而增加[15]。刘强和 Vitousek[14, 15]的研究结果表明，随着海拔的升高，温度会开始降低，分解速率会显著降低。Moore等人[16]认为，在大的空间尺度上，年平均温度被认为是影响森林垃圾分解的主要气候因素。各气候带的枯枝落叶分解速率为热带 > 亚热带 > 温带 > 冷温带[17, 18]。在高温高湿的作用下，低纬度、低海拔地区土壤微生物活性普遍较高，枯枝落叶分解速度较快，森林表层有机质积累速度较慢。相反，受低温限制，高纬度、高海拔地区的微生物活性普遍较低，枯枝落叶分解速度较慢，森林表层有机质积累量大[1, 16, 17]。

1.4 我们的工作

在本文中，我们首先研究了真菌扩展速率、水分平衡和分解速率之间的关系。根据[5]，扩散速率和分解速率之间的关系被确定为 $1/2$ 阶。此外，水分平衡与对数分解率之间的关系是线性的。然后我们将这三个因素统一为一个单独的非线性方程。建立了多元非线性优化模型，并用SGD求解。在这种情况下，建立了延伸率、水分平衡和分解率之间的定量关系。

然后，我们引入细胞自动机来模拟真菌的生长和分解。我们引入三个定义来量化元胞自动机的分解率和扩展率。同时，我们考虑了不同种类真菌之间的相互作用以及不同环境的影响。进行了大量模拟实验来测试

我们模型的稳健性、敏感性和有效性。

总之，我们的模型如下：

- 延伸率、水分平衡和分解率之间的关系(7)。
- 非线性优化模型固定了不确定因素的关系式(8)。
- 多种真菌下的细胞自动机模型(20)。
- 不同真菌相互作用下的细胞自动机模型(22)。

值得指出的是，这五个问题的答案分别列在第。

3.2(第一个问题)、第3.3条(第二个问题)，第3.4条(第三和第四个问题)和第3.5条(第五个问题)。

2 假设和符号

2.1 假设

通过对问题的全面分析，为了简化我们的模型，我们做出了以下合理的假设。

假设1假设森林土壤肥力、树种和树龄对枯枝落叶分解的影响可以忽略不计。

对真菌分解的影响主要局限于环境及其自身特征[10]。

假设2忽略森林害虫和动物活动等外部因素对森林枯枝落叶基质质量和分解率的影响。

假设3没有考虑光照强度对真菌分解的影响。

光照强度会导致叶片结构和材料组成的差异[19]。具体来说，光照强度会影响叶片中营养物质、纤维素和木质素的含量。本文主要研究温度和湿度的影响，因此本文忽略了光强的影响。

假设4不考虑光照和降雨引起的干湿交替、冻融现象。

假设5假设枯枝落叶和木质纤维的分解经历了浸出阶段和粉碎阶段，该模型针对的是有机物的分解代谢阶段。

浸出和粉碎阶段的性质需要额外的分析[6]。

假设6假设由于实际情况的限制，真菌永远不会超过其理论延伸率。

微生物的理论最大生长速率是基于理想条件[5, 20]。因此，真菌不太可能超过理论上的最大生长速度。

假设7事实上，真菌的生长有一个湿度下限。为了简化模型，我们假设湿度越高，扩展速率就越高。

真菌生长的湿度有较低的限制[21]。然而，据我们所知，没有上限。因此，作出这种假设是合理的。

2.2 符号

表1列出了本文中使用的主要符号。此外，包含元素 \cdot 的集合表示为 $\{\cdot\}$ 。不同类型的真菌通过下标 i 来区分，例如 F_i 、 VE_i 。通常，具有相同大写字母但不同下标的符号表示具有相似性质的变量，例如， VE 和 VD 都表示速率，而 VE 表示扩展速率， VD 表示分解速率。

表1 :符号

符号	定义
T	温度 (单位为 $^{\circ}C$)
T_{max}	一种真菌的最适宜温度
H_l	一种真菌的湿度下限
λ, a, K	优化模型中 的待定参数 (3.3) 据的平方损失 VE Extension
	L地面实况数据和预测数 比率 (根据[5] , 范围为[0 , 10])
VE_{max}	理论最大延伸率
VD	分解率 (范围为[0 ,1])
M	水分权衡 (范围为[-1 ,1][5])
H	湿度 (范围为[0 ,1])
G	细胞自动机中的映射 ($\in N500 \times 500$)
F_i	包含多个细胞的集合，代表一种真菌 ($\subset N2$)
N_i	被一种真菌感染的细胞数量 ($N_i= F_i $)
PE	定义1中定义的扩展概率
PC_i	定义3中定义的竞争扩展概率
TD_i	定义2中定义的分解时间

3 模型和结果

本节介绍了我们工作的主要模型和结果。具体而言，第3.1节建立了扩展速率、水分权衡和分解速率之间的关系，其中SGD算法用于确定模型参数。第3.2节建立了细胞自动机模型来描述真菌的生长和分解过程。在第3.3节中，我们添加了不同真菌的相互作用，并重新建立了细胞自动机模型。在第3.4节中，我们从不同因素的联系以及对环境变化的敏感性的角度分析了所提出的模型。最后在第3.5节中，我们分析了生物多样性对真菌生长和分解的重要性。

为了更好地开展我们的工作，预计将收集多种真菌及其参数。通常，地面垃圾和木质纤维素的主要成分包括木质素、纤维素和半纤维素。因此，我们选择的真菌类型应该能够有利地分解这些元素。根据常见真菌类型的信息[5 ,26]，我们收集了6种真菌，如表2所示。

3.1 分解率模型及参数估计

本节建立了真菌分解速率模型，从两个方面进行考虑：扩展速率和水分权衡。我们的模型是一个通用的框架，可以应用于所有类型的真菌。具体来说，我们首先定性地建立了分解速率和延伸速率与水分权衡之间的关系。然后，我们建立

表2 :所选真菌的类型和相应的参数 (部分参数选自[5]的附录)。

真菌类型 _{最大}	$V_{E_{max}}$	H_l	M
木霉属	28°C	8.23	-0.60
青霉属	18°C	6.46	-0.80
曲霉属	32°C	5.17	-0.84
铁锈真菌	25°C	1.56	-0.60
长臂猿属	27°C	7.26	-0.80
镰刀菌属	28°C	4.68	-0.40

拉伸速率与湿度和温度之间的关系。对于模型中的不确定参数 ,我们使用相关文献[5]中的数据通过SGD来确定这些参数 ,最后我们可以确定分解率模型。

3.1.1 基于延展率和水分权衡的分解率

分解率被定义为木材在122天内的质量损失[5] ,与延伸率和水分权衡有很大关系。对于扩展速率 ,我们可以观察到分解速率随着扩展速率的增加而增加。这种增加的幅度近似为 $1/2$ 的幂 ,温度 T 以恒定的比率影响分解速率。因此 ,分解率相对于扩展率的单变量函数可以公式化为

$$\frac{V_D}{D} = T \times V_E^{\frac{1}{2}} + V_I^{\frac{1}{2}}, \quad (1)$$

其中 V_D 表示分解速率 , T 表示温度 , V_E 表示延伸速率 , V_I 是一个常数 ,这是不确定的。

水分权衡 M 被定义为每个隔离物的竞争排名及其水分生态位宽度的差异[5]。据信 ,具有更大水分权衡的真菌可能具有更高的分解率[5]。事实上 ,可以在水分权衡和 $\log V_D$ 之间找到线性相关性 ,即 ,

$$\log V_D = \alpha \times M + V_2, \quad (2)$$

其中 α 是线性系数 , V_2 是常数。对两者取指数函数
边 ,设 $\lambda = 10 V D_0$ 和 $a = 10 \alpha$,我们有

$$V_D = \lambda a^M. \quad (3)$$

这里 , λ , a 成为模型的两个待定参数。

注意 ,(1) 和 (3) 是两个独立的函数 ,分别考虑了延伸率和湿度权衡的影响。事实上 ,这两个因素一致地以同步的方式影响分解速率。因此 ,预计将来将这两个因素统一为一个单一的模型

$$V_D = T \times V_E^{\frac{1}{2}} + \lambda a^M K, \quad (4)$$

其中 K 是一个待定常数。

在真菌分解速率模型 (4) 中 ,自变量是扩展速率 V_E 和湿度权衡 M 。对于 M ,特定物种的湿度下限为

真菌可用于测定 M [21]。然而，对于 VE ，它取决于温度和湿度。因此，需要建立一个特定的模型来描述温度、湿度和延伸率 VE 之间的关系。

3.1.2 基于温度和湿度的扩展速率

真菌通过分解有机物为自己提供能量。由于分解主要取决于酶的功能，分解酶的活性极大地影响了分解效率，从而影响了真菌的生长速率[22]。一般来说，分解酶的活性与温度和湿度高度相关。因此，真菌的生长速度取决于温度和湿度。

根据[22]，温升可以通过阿伦尼斯图线性化。阿伦尼斯图的斜率给出了确定 VE 的活化能。一般来说，湿度对真菌生长的影响是正相关的。然而，对于温度来说，过高的温度会使真菌中的酶失活。因此，我们使用 T_{max} 来表示导致失活的温度。超过这个温度，延伸率将随着温度的升高而下降。

基于上述分析，我们将真菌相对于温度 T 和湿度 H 的延伸率公式化为以下阿伦尼斯图 [23]：

$$\begin{aligned} VE &= \frac{V_{E_{max}}}{E_{max}} e^{-\frac{V_{E_{max}}}{E_{max}}(T - T_{max})}, \quad 0 \leq T \leq T_{max} \\ VE &= 0, \quad \text{otherwise.} \end{aligned} \quad (5)$$

其中 $V_{E_{max}}$ 表示理论最大延伸率（根据假设6，由于实际情况的限制，真菌永远不会超过其理论延伸率）。对于不同种类的真菌， $V_{E_{max}}$ 和 T_{max} 是不同的。它们取决于真菌的基本特征。

为了说明上述模型 (5) 的合理性，我们在图中显示了 VE 相对于不同 T 和 H 的值。1。我们可以看到，当真菌的最大延伸率 $V_{E_{max}}$ 较大时，真菌对环境（温度和湿度）的变化很敏感。例如，图1中的黄线表示的最大延伸率为

10。当温度或湿度变化很大时，这些真菌的延伸率甚至低于最大延伸率为 2.5 的真菌，这用蓝线表示。也就是说，具有较高延伸率的真菌对环境的变化不具有鲁棒性。这一现象与文献[5]中的分析一致。

3.1.3 基于湿度下限的湿度权衡

对于湿度权衡 M （其范围为 $[-1, 1]$ [5]），我们直接使用湿度的下限数据来诱导 M 。具体而言，根据[21]，一种真菌的湿度下限 H_l 是确定的（范围为 $[0, 1]$ ）。此外，如假设7所述，该极限越低，真菌物种的水分权衡就越高。因此，我们直接将 M 与 H_l 线性相关，即。

$$M = -2H_l + 1. \quad (6)$$

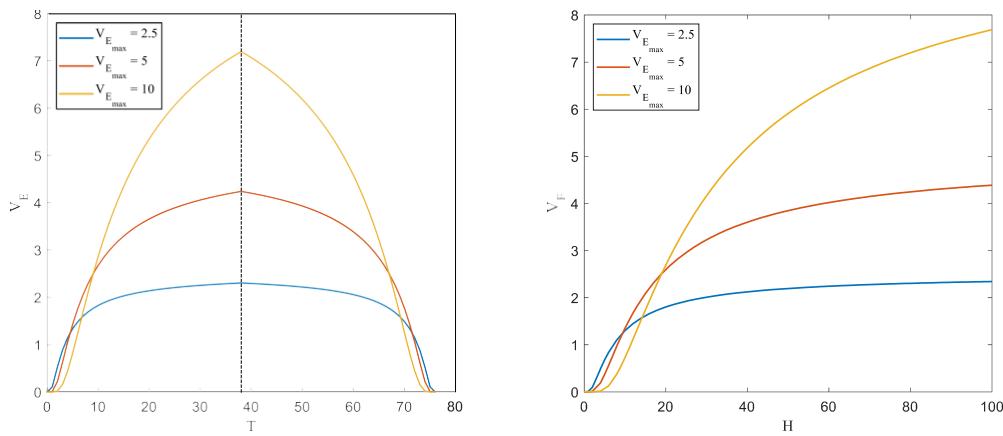


图1：扩展率模型的测试(5)。左图： VE 相对于不同温度 T 的值，固定 $H=0.8$ 。右图：固定 $T=38$ 时，不同湿度 H 的 VE 值。最佳温度 T_{max} 被设置为38。

3.1.4 真菌分解率模型

基于上述分析，真菌分解率的最终模型为

$$\boxed{\frac{V}{V_D} = T \times V_{E\max}^2 \frac{100}{\lambda a} + K}$$

$$\boxed{V_D}$$

$$\boxed{\lambda}$$

$$\boxed{M = -2H_l + 1}$$

$$\boxed{V_E = V_{E\max} e^{-\frac{V_{E\max}}{T \times H}}, 0 \leq T \leq T_{max}}$$

$$\boxed{V_E = V_{E\max} e^{-\frac{V_{E\max}}{T \times H}}, T > T_{max}}$$

$$\boxed{V_E = 0, \text{其他。}}$$

3.1.5 基于SGD的参数估计

为了建立扩展速率、水分交易奇数和分解速率的确定关系，我们需要估计模型(7)中的待定参数 λ, a, K 。具体来说，这些参数应该根据数据来确定。我们的数据来自[5]的附录。方程(4)是一个多参数待定非线性方程。因此，期望通过最小化手头的分解速率数据和预测的分解速率之间的误差来确定这些参数，这可以被描述为以下优化模型：

$$\begin{aligned} \{\lambda^*, a^*, K^*\} &= \arg \min_{\{\lambda, a, K\}} \sum_i (V_E - V_E^{data})^2, \\ VD &= T^{data} \times \frac{1}{2} + \lambda a^{data} + K_0. \end{aligned} \quad (8)$$

这里，数 $\{T_i, V_E^{data}, M_i\}_{i=1}^l$ 是从[5]中获得的一组数据。上述优化该模型旨在最小化地面实况数据 VD^{data} 和预测数据的平方误差 VD 使用(4)。

很难找到模型(8)的闭式解。因此，有必要使用迭代方法。在求解无约束优化问题时，迭代梯度下降法是常用的方法。

算法[24]，其在多个数据下是高效的，用于处理模型(8)。明确地我们通过更新 $\theta=\{\lambda, a, K\}$

其中 $L = \frac{1}{D_{data}} \sum_{i=1}^D (V^i - V^t)^2$ 是能量函数， r 是更新率[24]， $t=1, 2, \dots, i$

表示迭代步骤。具体来说，我们有以下更新规则：

λ -更新：

$$\lambda^{t+1} = \lambda^t - r \frac{\partial L}{\partial \lambda} = \lambda^t - 2r(V^i - V^t) \times a^{tM} \quad (10)$$

a -更新：

$$a^{t+1} = a^t - r \frac{\partial L}{\partial a} = a^t - 2r(V^i - V^t) \times D_{data} \quad (11)$$

K 更新：

$$K^{t+1} = K^t - r \frac{\partial L}{\partial K} = K^t - 2r(V^i - V^t) \quad (12)$$

优化过程如表3所示。

表3：拟议模型的解决方案(8)。

算法1：使用SGD的参数估计	
1：输入： $r, I, D_{data}, V^t, M^t, V^i$	
2：初始化 $\lambda^0=1, a^0=1, K^0=1;$	
对于 $k=1:I$	
4： $t \leftarrow \text{mod}(k, N);$	
5：通过(10)更新 λ ；	
6：更新过孔(11)；	
7：通过(12)更新 K ；	
8：结束	
9：输出： $\lambda I, aI, KI$	

关于迭代的损失值(L)和如图所示。2。我们可以看到，在SGD迭代过程中，损耗逐渐收敛到一个相对较小的值， λ 稳定地收敛到31.9。尽管我们使用SGD，其中损失值是局部不稳定的。然而，SGD算法可以加快迭代和收敛速度[24]。

最后，我们得到 $\lambda=31.90, a=1.26, K=-64.80$ ，这推导出

$$V_D = T \times V^2 + 31.90 \times 1.26 - 64.80. \quad (13)$$

基于上述解决方案，分解率和扩展率的计算模型同时描述如下：

- 五 $D = t^v \frac{1}{E} \approx 1.70 \times 1.26 = 21.00$
- $M = -2H_l + 1$
- $VE = V_{E_{max}} e^{-\frac{V_{E_{max}}}{\times H}}, 0 \leq T \leq T_{max}$
- $V_E = V_{E_{max}} \frac{V_{E_{max}}}{\times H} \geq \frac{V_{E_{max}}}{\times H}$
- $VE=0$ ，其他。

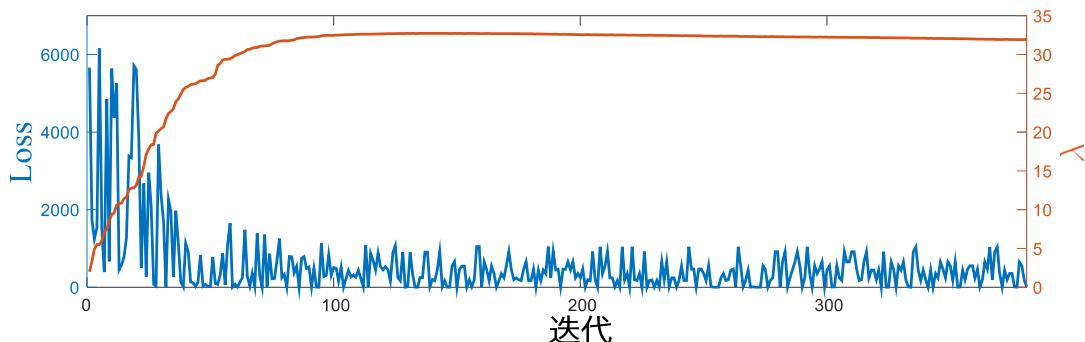


图2 : 使用表3中的算法进行迭代的损失值 (L) 和 λ

具体来说 , 给定温度 T 和湿度 H , 我们可以计算不同 VE_{max} 、 T_{max} 的不同种类真菌的扩展速率 VE 。接下来 , 通过结合延伸率 VE 和水分权衡 M (由不同真菌对水的耐受性确定) 来计算分解率 VD 。该模型为我们的细胞自动机模型模拟真菌分解有机物提供了基础。

3.2 故障过程的元胞自动机模型

第一个问题是真菌的分解过程进行建模。在实践中 , 真菌的分解速率由于各种条件而不是恒定的 , 因此分解时间是动态的。为了更好地模拟分解过程 , 我们建议使用细胞自动机来解决这个问题。

具体而言 , 代表真菌的集合 (包含多个细胞) 由 $F_i \in N^2$ 表示。整个地图网格 (代表木质纤维) 是 $G \in N^{500 \times 500}$ 。在开始阶段 , 每个网格都设置为 1 , 即 $G(p, q) = 1, \forall s, t$ 。然后 , 对于每个网格 , 存在被真菌 F_i 感染的初始可能性 (如果 (p, q) 被 F_i 感染 , 则我们更新 $G(p, q) = i + 1$)。

初始化后 , F_i 开始扩展到其他网格。一旦 F_i 扩展到一个新的网格 , 它就开始分解这个网格 , 这需要一些时间。分解后 , 木材消失 , 网格上的真菌因缺乏宿主而死亡。细胞自动机的整个模拟过程描述了真菌在木材上生长和分解的动态过程。然而 , 细胞自动机中的一些参数 , 如入侵相邻细胞的规则和分解时间 , 还需要进一步确定。

在这里 , 我们使用我们之前计算的扩展率 VE 和分解率 VD 来确定元胞自动机中的参数。

3.2.1 细胞与真菌伸展的关系

对于真菌的扩展过程 , 我们使用细胞自动机中相邻细胞的感染来模拟生长。自然地 , 这个过程通过扩展速率 VE 来参数化。然而 , 我们不能直接在元胞自动机中使用 VE , 因为模拟过程是一个离散过程。在这种情况下 , 不仅要研究细胞的数量 , 还要研究细胞的位置。因此 , 我们建议将 VE 转换为一个概率因子 , 以确定未感染的网格是否会被相邻网格中的真菌感染。

根据[25] , *sigmoid* 函数可以很好地描述生物生长的过程。对于真菌来说 , 它也是一种生物 , 因此它的一些行为和特征可以用 *sigmoid* 函数来模拟。在给定扩展率 VE 的情况下 , 我们建议使用 S 形函数将 VE 转换为可控的概率因子。真菌的概率 (通过延伸率 VE 确定) 用于确定真菌细胞 F_i 是否可以延伸

进入相邻的晶格。具体而言，我们归纳出以下定义。

定义1(扩展概率)给定扩展速率为 VE_i 的真菌细胞 F_i , F_i 的扩展概率定义为

$$P_E = \text{sigmoid}\left(\frac{1}{E_i}\right) = \frac{1}{1 + e^{-\frac{1}{V_{E_i}}}}. \quad (15)$$

该概率用于确定真菌细胞的生长程度。具体地，对于每个未感染的细胞，如果它与感染的真菌 F_i 相邻，则网格可以被概率 PE_i 感染，概率 PE_i 由扩展率 VE_i 确定。当延伸率增加时， PE_i 增加（上限为1）。然后细胞感染的概率增加，这在另一方面描述了真菌扩展的速率。因此，定义1的有效性是合理的。

基于上述分析，对于每个未被感染的网格 (p, q) ，我们在时间 t 内进行以下操作：

$$\begin{cases} F_i^{t+1} = F_i^t \cup \{(p, q)\}, & \xi \leq P_E \\ F_i^{t+1} = F_i^t, & \xi > P_E \end{cases} \quad (16)$$

其中 $\xi \sim U(0, 1)$ 。上面的公式是真菌的生长模拟过程。请注意
脊网格 (p, q) 被真菌 F_i 完全分解，因此我们这样做

$$F_i^{t+1} = F_i^{t+1} \setminus \{(p, q)\}. \quad (17)$$

对于真菌的总数 N_i （被 F_i 感染的网格的数量），我们有 $N_i = |F_i|$ ，其中 $| \cdot |$ 表示集合中元素的数量。对于真菌感染的细胞数量的变化，我们有以下不同的形式：

$$\frac{dN_i}{dt} = (N_i^{t+1} - N_i^t) - N_i^t, \quad (18)$$

其中 N_i^t 表示在时间 t 被真菌 F_i 完全分解的细胞的数量

方程(18)至关重要，因为我们可以使用它来观察模拟过程中真菌数量的变化。

3.2.2 细胞分解与真菌分解的关系

与扩展速率类似，分解速率不能直接用于细胞自动机模型。因此，有必要将之前计算的分解率转换为真菌的分解时间，以完全分解被感染的细胞。自然，当分解速率高时，分解时间相对较低[26]。因此，我们提出以下分解时间的定义。

定义2(分解时间)真菌 F_i 的分解时间，分解率为 VD_i ，即真菌在细胞中完全分解木质纤维的时间，定义为

$$T_{D_i} = c \frac{122}{V_{D_i} \times 500^2}, \quad (19)$$

其中 c 是校正因子。 T_{D_i} 的单位是天。

122是[5]中实验的天数，500是 G 的大小。在我们的工作中， c 被设置为 5×10^6 。给定分解时间 T_{D_i} ，我们可以模拟真菌在细胞中的分解过程。因此，根据等式(17)，分解时间是影响细胞自动机模型的因素。

3.2.3 细胞自动机模型

基于上述分析 ,设 n 表示真菌种类的数量 ,所提出的用于模拟分解过程的细胞自动机模型被公式化为 :

$$\begin{aligned}
 & \square F^{t+1} = (F^t \cup \{(p, q)\}) \setminus \{(p^t, q^t)\}, \quad \xi \leq P_E \\
 & \square F_i^{t+1} = F_i^t \setminus \{(p^t, q^t)\}, \quad \xi > P_E \\
 & \square \xi \sim U(0,1), i=1, \dots, n \\
 & P_{E_i} = \text{S形}(\frac{1}{V_{E_i}}) = \frac{1}{1 + e^{-\frac{1}{V_{E_i}}}} \\
 & \square BiVD \bar{\sigma} \theta_2 \frac{122}{我}.
 \end{aligned} \tag{2}$$

3.2.4 模型解决方案

模型 (20) 是基于元胞自动机的模拟框架。因此 ,可以通过时间迭代刺激分解过程来获得解。模拟过程的算法如表4所示。注意 ,在模拟过程中 ,我们考虑提供未感染细胞的落叶 (我们将完全分解为未感染细胞 ,即 $G(p, q)=1$ 的细胞改变为未感染的细胞 ,以模拟落叶)。在本节中 ,我们选择了三种类型的真菌进行实验 ,即木霉、青霉和曲霉菌 (详见表2)。此外 ,我们为问题1、2和3选择了热带雨林中的环境 (不同区域的详细信息见表5)。仿真结果如图3所示。

从图3的左图中 ,我们可以看到木纤维被不同的真菌感染和分解。这种感染和分解发生在木质纤维上 ,即真菌在生长时可以不受限制地利用木质纤维中的所有营养物质。从图3的中间图可以看出 ,在最初阶段 ,即大约5–10天 ,真菌以近似指数的速度感染木质纤维。然而 ,10天后

真菌的数量开始减少。这是因为木材的营养成分 (即细胞图中未感染木材的数量) 在减少 ,而分解的木材在增加。此外 ,几种真菌的存在导致营养物质的快速消耗。因此 ,真菌的生长环境变得更糟 ,由于缺乏营养 ,真菌的数量开始减少。大约40天后 ,真菌的数量趋于稳定

6×10^4 . The decomposition rate after 122 days is 0.68.

从图3的右图可以看出 ,真菌数量的变化率起初很高 ,然后趋于稳定。这与大多数实验室的结果一致[26, 10, 16]。因为一开始 ,营养物质充足 ,生长速度很高。之后 ,营养物质减少 ,大部分木材被分解 ,同时还有落叶提供额外的营养 (不足以让真菌进一步扩展) ,因此真菌数量的变化率往往为0。

3.3 真菌相互作用下的细胞自动机模型

在本节中 ,我们将讨论第二个问题。为了描述不同种类真菌之间的相互作用 ,我们主要考虑扩展速率的变化 ,其中生物之间的相互影响主要来自生长的角度[25]。具体来说 ,我们应该考虑

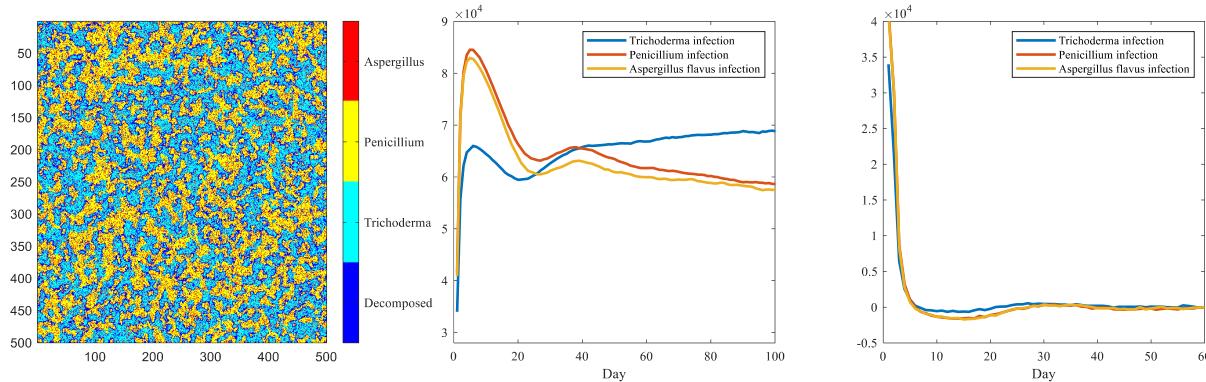


图3 :问题1的模拟结果。左图 :木质纤维被不同种类的真菌感染并被真菌分解。中 :不同真菌 N_i 的数量随时间的变化。右图 :不同真菌 dN_i 数量随时间的差异。

表4 :对应于模型 (20)的算法。

算法1 :真菌扩展和分解模拟过程

```

1: input:  $G \in \mathbb{N}^{500 \times 500}$ ,  $t_{max}$ ,  $\{T_{max_i}\}$ ,  $\{V_{E_{max_i}}\}$ ,  $\{M_i\}$ 
2: 初始化  $F_i \in \mathbb{N}^2$ ,  $i=1, \dots, n$ ; 3: 对于  $t=1:t_{max}$ 
4:   对于  $(p_j, q_j) = (1, 1) : (500, 500)$ 
5:     查找相邻点  $\{(p_j', q_j')\}$ ; 6:       如果  $G(p_j', q_j') \neq 1$ 
7:         通过 (15) 计算  $PE_i$ ;
7:         通过 (19) 计算  $TD_i$ ;
7:         通过 (16) 和 (17) 更新  $F_i$ ;
7:          $G(p_j, q_j) = i + 1$ ;
6:       end if
6:     结束
6:      $N_i^t = |F_i^t|$ ; Compute  $\frac{dN_i}{dt}$  via (18);
8: 结束
9: 输出:  $\{N_i\}$ ,  $\{\frac{dN_i}{dt}\}$ 

```

真菌这种影响应量化为对扩展率的影响。然后，使用细胞自动机重新模拟真菌在内在相互作用下的活动。

3.3.1 模型建立

在建模不同物种真菌之间的关系时，我们应该考虑两个方面：互利和互斥。然而，据我们所知，互惠互利只存在于真菌和其他生物之间[27, 28]。因此，当我们考虑真菌之间的关系时，我们主要考虑竞争关系。也就是说，在不同真菌的相互作用下，延伸率 VE 会降低。根据我们之前的工作（定义1），扩展概率将发生变化。我们对真菌相互作用下的扩展概率进行了以下定义。

定义3 (竞争扩展概率) 给定扩展速率为 VE_i 的真菌细胞 F_i 和数量为 $\{N_j\}$ 的竞争真菌 $\{F_j\}$ ， F_i 的竞争扩展概率

定义为

$$r_{C_i} = \text{sigmoid}\left(\frac{1}{V_{E_i} \times (1 - \sum_{j \neq i} |N_j|)}\right) = \frac{1}{1 + e^{-\frac{1}{V_{E_i} \times (1 - \sum_{j \neq i})}}}. \quad (21)$$

显然,由于百分比因子 $(1 - \sum_{j \neq i} |N_j| / 500^2)$, P_{Ci} 低于 PE_i 。

认为竞争真菌对真菌 F_i 的影响程度与总数 $\sum_{j \neq i} |N_j|$ 有关。当竞争真菌的数量很大时,影响是相当大的。这与[27]中的分析一致。因此,定义3的有效性是合理的。

Based on the above analysis, the cellular automata model with fungi interactions can be formulated by re-written model (20) as

$$\begin{aligned} & \square F^{t+1} = (F^t \cup \{(p, q)\}) \setminus \{(p^t, q^t)\}, \quad \xi \leq P_C \\ & \square F^{t+1} = F^t \setminus \{(p^t, q^t)\}, \quad \xi > P_C \\ & \square \xi \sim U(0, 1), i=1, \dots, n \\ & \square P_C = \text{sigmoid}\left(\frac{1}{V_{E_i} \times (1 - \sum_{j \neq i} |N_j| / 500^2)}\right) = \frac{1}{1 + e^{-\frac{1}{V_{E_i} \times (1 - \sum_{j \neq i} |N_j| / 500^2)}}} \quad (22) \\ & \square D = c V D \times \frac{122}{500^2} \end{aligned}$$

3.3.2 模型解决方案

求解模型(22)的算法类似于模型(20)的算法。因此,该算法也可以描述为表4。唯一的区别是概率的计算。在表4中,通过(15)计算概率。这里,通过(21)来计算概率。

结果如图4所示。如图4左图所示,木材的感染和分解是整体的、随机的。其中,与第一个问题的结果相比,分解木材的数量显著减少。具体而言,稳定后的真菌数量约为 4.5×10^4 ,比没有真菌竞争的情况下减少了33.65%。根据图4的中间图,类似于第一个问题的结果是,真菌的数量先增加后减少。根据图4的右图,真菌数量的变化率起初非常大,然后趋于0。122天后的分解率为0.39,比没有真菌竞争情况下的分解率低42.69%。

与第一个问题不同,我们在本节中考虑了不同类型真菌之间的竞争。在这样的考虑下,我们的实验结果与第一个问题大不相同。具体而言,根据图4的中间图,尽管真菌的总体生长趋势先增加后减少,但与第一个问题的结果相比,真菌的总体数量显著减少。这是因为我们考虑了真菌之间的竞争。根据定义3,真菌不太可能感染木材。因此,真菌的总体数量显著减少。

3.4 分析和实验结果

我们回答本节中的第三个和第四个问题。首先,我们对之前的模型进行了全面的分析。然后,我们分析了不同企业之间的竞争关系

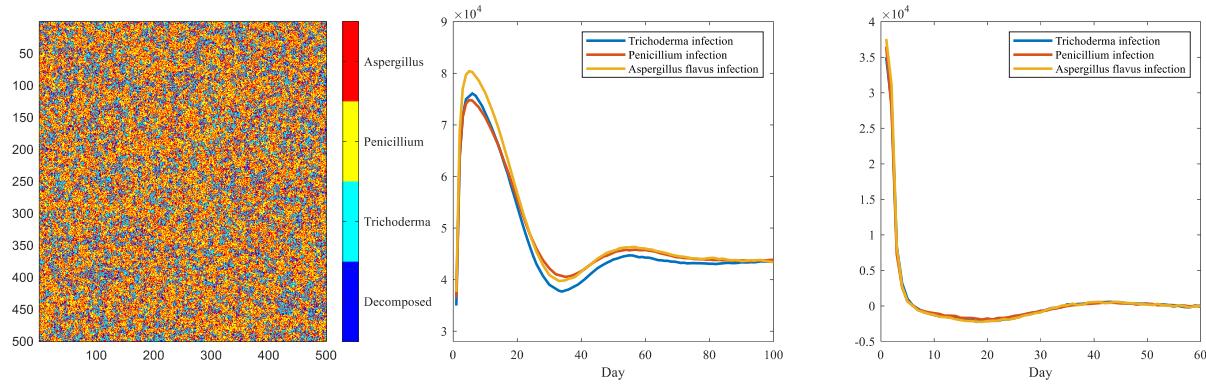


图4：问题2的模拟结果(不同种类真菌相互作用下的真菌分解和生长模拟)。左图：木质纤维被不同种类的真菌感染并被真菌分解。中：不同真菌 N_i 的数量随时间的变化。右图：不同真菌 dN_i/dt 数量随时间的差异。

种然后，我们分析了环境变化的敏感性(主要是温度和湿度的变化)。最后，我们模拟了不同真菌种类在不同环境中的扩展和分解，并分析了不同真菌品种在不同环境下的优缺点。

3.4.1 总体分析

我们建立的模型有着内在的联系。这种联系通过各种参数来量化。具体连接如图5所示。从真菌类型开始，确定了这类真菌的湿度下限和最大扩展速率。然后，计算了延伸率和水分平衡。使用模型(7)和(8)，确定分解速率。接下来，我们引入了三个定义，分别考虑了扩展概率、分解时间和竞争扩展概率。最后，根据这些因素建立了细胞自动机模型(20)和(22)。

基于上述分析，我们的模型具有良好的灵活性和稳健的关系结构。此外，我们的考虑是基于真菌分解的实际情况，因此具有良好的可信度。受[5]的启发，我们根据水分权衡和延伸率来制定分解率。我们的实验结果表明，我们的动机是正确的，真菌的生长过程和木质纤维的分解过程取决于真菌的类型和参数，以及环境的变化(将在下一部分讨论)。

3.4.2 不同真菌之间的相互作用

在模型(22)中，我们将不同类型真菌之间的内部相互作用总结为不同类型真菌间的竞争。我们提出了一个定义(定义3)。这个定义主要基于扩展率来考虑另一个物种对一类真菌的影响。百分比系数用于降低原始扩展速率。这种竞争关系是相对的，因此它会影响分解和生长的整个过程。

从短期来看，根据图3和图4，真菌竞争的额外考虑并没有太大影响。这是因为在初始阶段，木材的剩余量，即营养物质是充足的。即使真菌的生长速度有限，它们的生长过程也以类似的指数形式发生。因此，在短期内，竞争的影响并不明显。

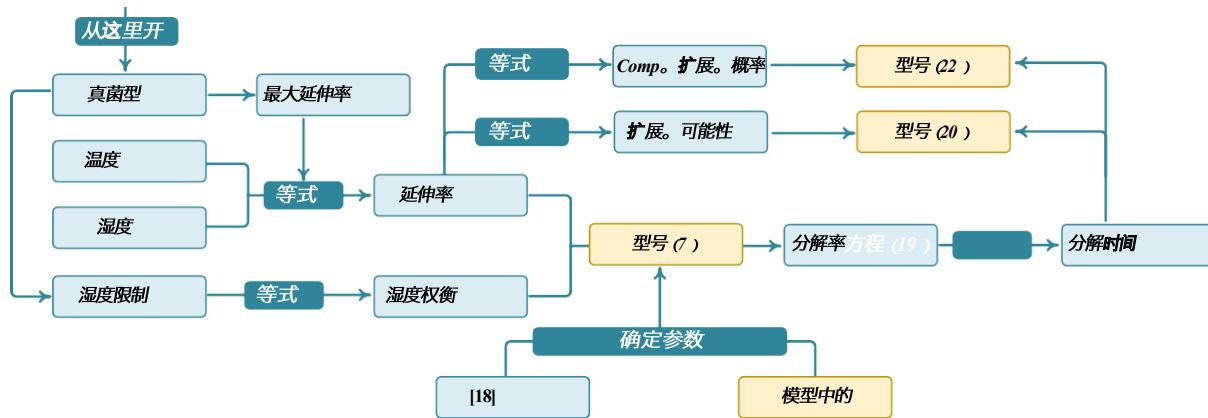


图5 :本文对不同参数与模型的关系进行了总体分析。

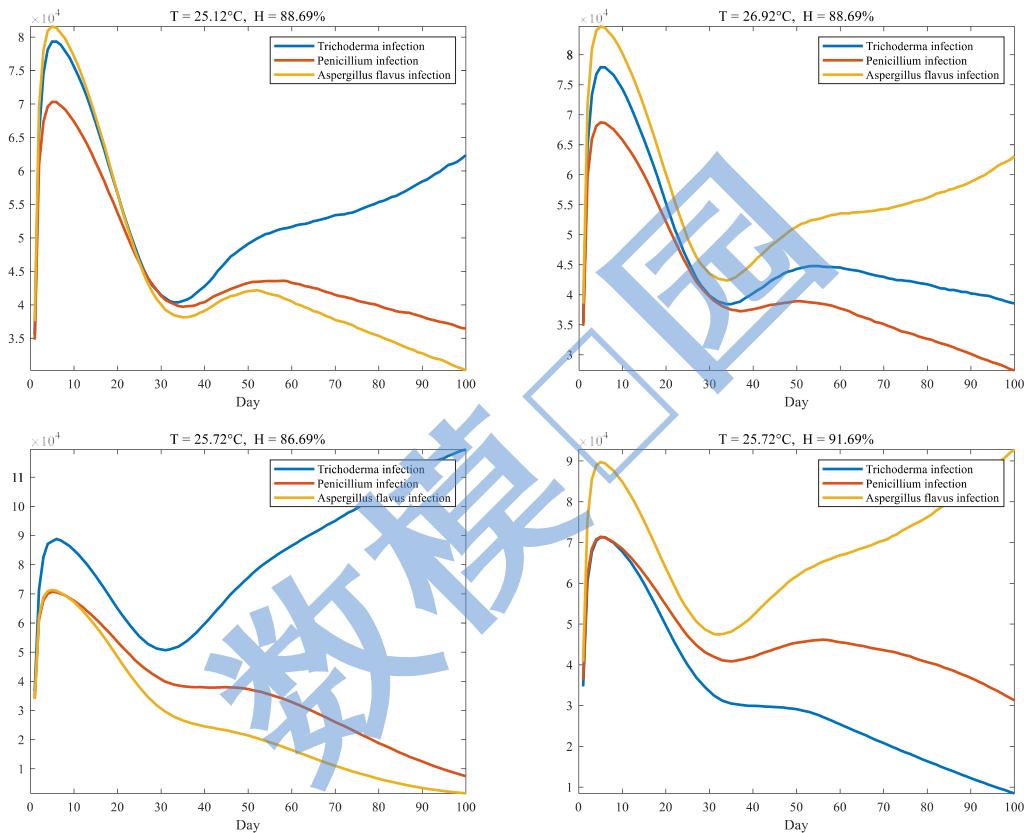


图6 :不同温度和湿度的灵敏度分析。

然而 ,从长远来看 ,考虑真菌竞争的影响是巨大的。从图3和图4的中间图中 ,我们可以发现 ,当我们不考虑相互作用时 ,每种真菌都以独立的速度生长 ,其中 N_i 的数量强度远高于图4。在考虑相互作用后 , N_i 的一般数减少了很多。这是因为当木质纤维被分解时 ,营养物质变得越来越有限。在这种条件下 ,真菌之间的竞争使它们的生长极为缓慢。因此 ,它们的量 N_i 非常低。

3.4.3 环境敏感性分析

为了证明我们的模型具有良好的内部关系 ,特别是能够对环境变化做出良好的响应 ,我们对环境变化 (温度和湿度)进行了敏感性分析。具体而言 ,我们使用三种真菌类型 ,即木霉 ,

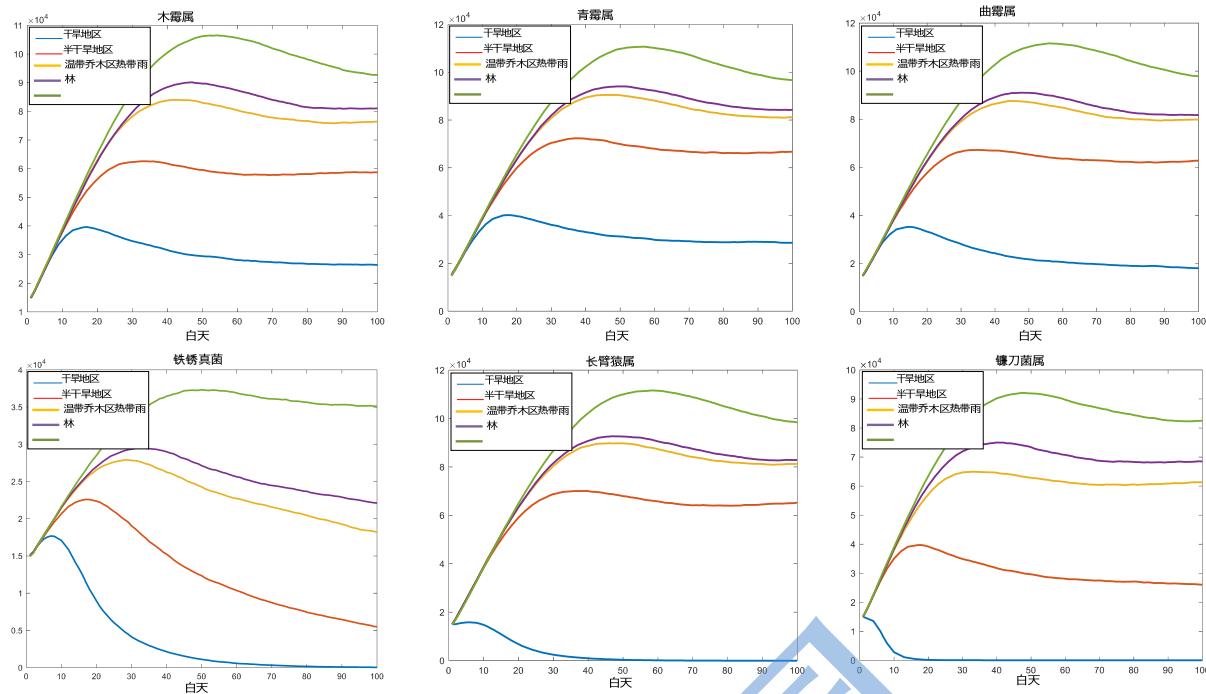


图7 :不同类型真菌在不同环境下 ,真菌 N_t 的数量随时间的变化。

青霉、曲霉模拟不同环境下温度和湿度略有不同的分解过程。灵敏度分析结果如图6所示。

在图6中,我们可以观察到,所提出的模型对环境的显著变化很敏感。具体而言,8%的温度变化将对优势物种的最终确定产生影响。同时,湿度的变化对最终优势种也有影响。我们的模型的敏感性主要是因为环境因素与扩展率以及竞争相互作用之间的联系。此外,不同种类的真菌具有不同的 T_{max} 和 H_l ,这导致了所提出的模型对不同温度和湿度的敏感性。

从我们的灵敏度测试结果可以看出,在最佳温度附近的温度变化会对真菌的活性产生更大的影响。如果当地大气发生异常变化,温度或湿度会发生很大变化,并可能偏离真菌的最佳温度或湿度极限,因此真菌的生长和木质纤维的分解效率会降低。具体来说,对于当地热带雨林地区来说,如果未来温度下降或上升(偏离真菌的最佳温度),真菌的扩展和分解速率将降低。就湿度而言,当秋冬季节湿度下降并变得相对干燥时,真菌的活动将受到极大限制。

3.4.4 不同组合和区域下的模拟

接下来,我们进行更多的实验来验证我们的模型的有效性。具体来说,我们在不同的条件下进行了模拟,即干旱区、半干旱区、温带和热带雨林区。具体温度和湿度数据如表5所示(参考<https://gis.ncdc.noaa.gov/maps/ncei/summaries/daily>)。同时,我们在这些地区使用不同种类的真菌来观察相应的结果。

首先,我们在中模拟每种选定的真菌(它们有不同的模型参数)

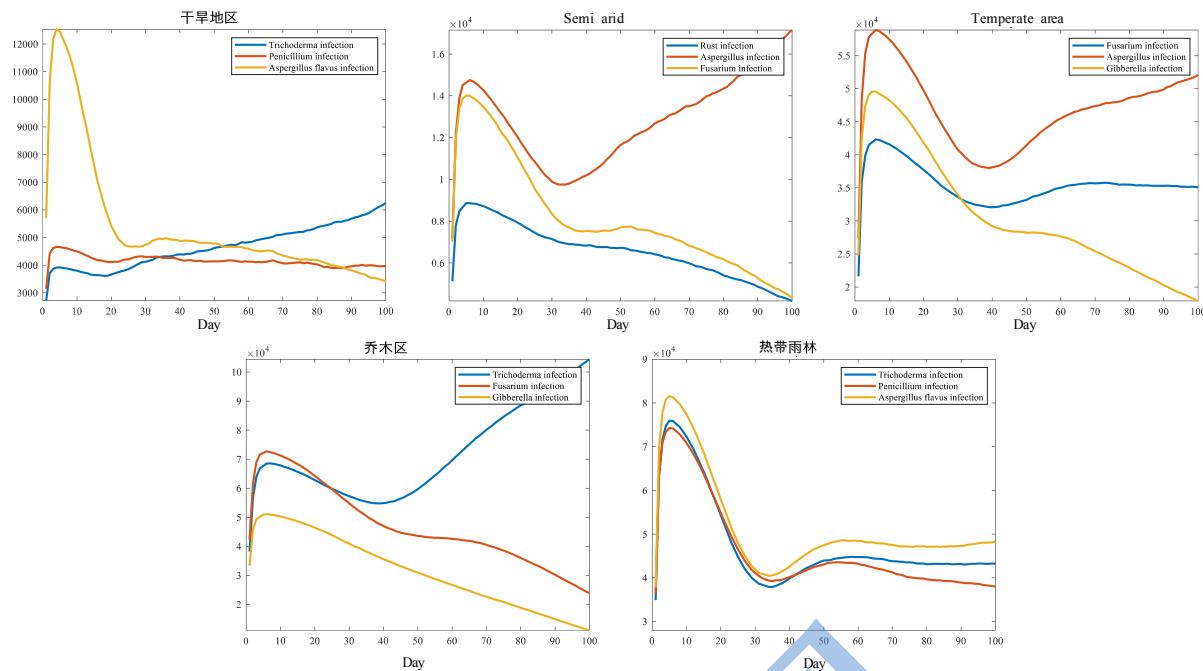


图8 :在不同环境下 ,不同真菌的竞争组合下 ,真菌 N_i 的数量随时间的变化。

表5 :环境类型和相应的参数 (我们使用显示经度和纬度的特定观测点的温度和湿度数据)。

区域	T	H	经度	纬度
干旱地区	$20.4^{\circ}C$	0.16	$87.7^{\circ}E$	$40.6^{\circ}N$
半干旱地区	$22.12^{\circ}C$	0.39	$118.8^{\circ}E$	$42.3^{\circ}N$
温带	$27.63^{\circ}C$	0.56	$102.2^{\circ}W$	$39.2^{\circ}N$
乔木区	$26.07^{\circ}C$	0.69	$82.2^{\circ}W$	$29.2^{\circ}N$
热带雨林	$28.72^{\circ}C$	0.88	$61.2^{\circ}W$	$5.8^{\circ}S$

五种不同的环境。结果如图7所示。我们可以看到 ,每种真菌在不同环境中的生长是相似的 ,但它们的数量 N_i 并不一致 ,这是由于它们的最大扩展速率 V_{max} 不相同。在所有模拟结果中 ,热带雨林占据了最高的生长数量。这是因为在热带雨林中 ,湿度非常充足 ,温度更合适。在这样的条件下 ,所有类型的真菌都可以有利地生长和分解木质纤维。然而 ,有些类型的真菌很难在干旱环境中生长。特别是在干旱地区 ,铁锈真菌、赤霉素和镰刀菌的数量减少到0 ,这表明这三种真菌不适合在这种环境中生活。

然后 ,我们模拟了真菌物种组合 (在它们的竞争相互作用下)在不同地区的生长和分解过程。结果如图8所示。模拟结果表明 ,在干旱地区 ,研究物种为木霉、曲霉菌和青霉 ,其中优势种为木霉 ,劣势种为曲霉菌。在半干旱地区 ,所研究的物种为铁锈真菌、曲霉菌和镰刀菌 ,其中优势种为曲霉菌 ,劣势种为铁锈。在温带 ,镰刀菌属、曲霉菌属和长臂猿属是研究的物种 ,其中曲霉菌属为优势种 ,长臂猿属为劣势种。在树栖区 ,所研究的物种为木霉、*Hyphomycetes*和赤霉素 ,其中优势种为木霉 ,劣势种为赤霉素。在热带雨林地区 ,研究的物种有三种-

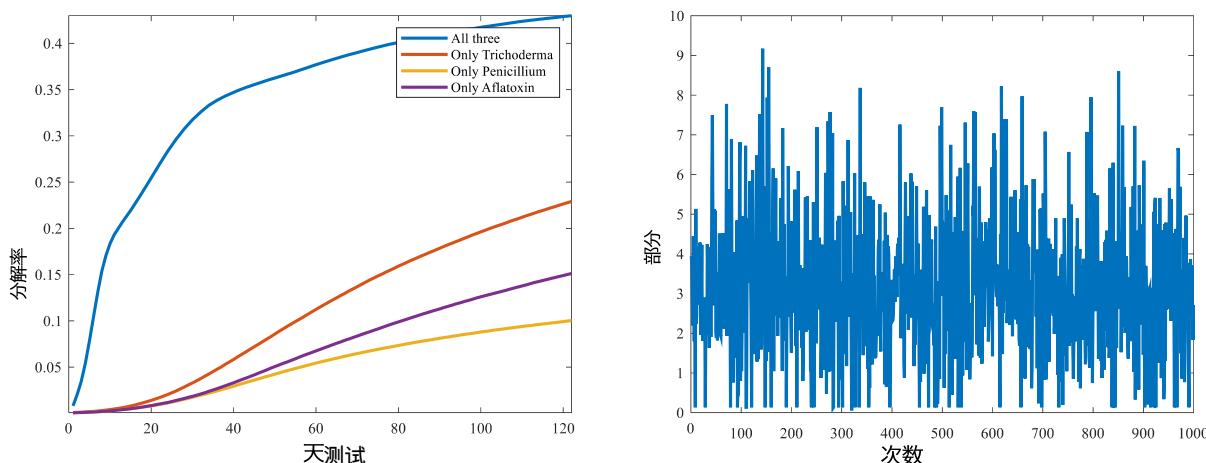


图9 :左图 :真菌种类的不同组合下 ,分解率随时间的变化。右图 :“三者”的分解率与单一真菌的分解率之间的比例 ,与测试次数有关。

木霉属、青霉菌属和曲霉菌属 ,其中优势种为曲霉菌属而劣势种为青霉菌属。在这些模拟结果中 ,分解率是不同的 ,例如 ,热带雨林地区真菌在122天后的分解率为68.29%。在这里 ,由于页面限制 ,我们不详细说明所有的分解率。

值得

注意的是 ,不同真菌组合在五种类型的环境中的生长过程

非常不同。这有两个原因。首先 ,不同环境中的温度和湿度差异很大 ,这改变了真菌的生长过程。其次 ,不同的真菌组合具有不同的最佳温度和水分平衡 ,这也改变了生长过程。具体来说 ,我们可以发现木霉在两个区域获得了最高的 N_i 数。这是由于其 $VEmax$ 值较高 ($VEmax=8.23$)

木霉和最适温度的值 $Tmax$ ($Tmax=28^{\circ}C$) 也在附近地球上最常见的温度。因此 ,木霉可以获得相对于其他木霉的优势竞争性相互作用下的真菌种类。

3.5 物种多样性的影响

本节回答第五个问题 ,即我们研究生物多样性对木质纤维分解的重要性。具体来说 ,我们分别用三种单一类型的真菌及其组合模拟分解过程。结果如图9所示。这里 ,我们在左图中绘制了分解率相对于时间的关系。然后 ,我们重新进行1000次实验 ,计算“三者”的分解率与单个物种的分解率之间的比例 ,其中相对于实验次数的比例如图9的右图所示。

从图9的左图中 ,我们可以清楚地观察到 ,当三种真菌物种结合在一起时 (即生物多样性增加) ,分解率远高于单一物种。同样在图9的右图中 ,我们可以发现 ,在大多数情况下 ,“三者”组合的分解率远大于单一真菌的分解率。具体来说 ,平均比例为2.89。因此 ,在这种环境下 ,物种多样性的影响是巨大的。这基本上是因为多个物种不仅带来了大量的真菌 ,而且还增加了多个物种的稳健性 ,即 ,如果环境 (温度和湿度)不适应其中一个真菌物种 ,则可能存在另一个适应该环境的真菌物种。因此 ,生物多样性条件下的分解速率是可以保证的。也就是说 ,生物多样性对真菌在生态系统中分解的有效性非常重要。

4 优势和劣势

在本文中，我们建议通过SGD对延伸率、水分平衡和分解率的关系进行建模。最后的关系描述为(14)。然后，我们使用元胞自动机来模拟分解过程。随后引入了三个定义来指导模拟过程。在多种真菌和不同环境中进行的大量实验有力地证明了所提出模型的有效性和稳健性。所提出的模型的优点如下。

4.1 优势

- **鲁棒关系**描述我们的关系模型(7)是非线性的，可以鲁棒地描述扩展速率、水分权衡和分解速率之间的关系。同时，根据文献对该模型的参数进行了自适应拟合[5]数据，这是准确的。
- **高效算法**我们使用SGD算法来解决非凸和非线性优化问题(8)。根据SGD[24]的良好泛化性质，迭代过程可以很好地收敛到一些临界点。
- **精确模拟**我们使用离散细胞自动机自适应地、精确地模拟真菌的分解和扩展过程，实现简洁高效。细胞自动机模型(20)可以通过简单的时间迭代来处理，这在计算上是有效的，并且与实际情况具有高度一致性。
- 引入了三个定义(定义1、2和3)，分别稳健地刻画了细胞自动机中的扩展过程、真菌的分解过程和不同真菌相互作用下的扩展速率。因此，所有因素的影响是相互联系的，并在细胞自动机中同时反映出来，这导致了真菌活动的精确建模。
- **高灵活性和可移植性**我们的模型有多个参数，例如 $VEmax$ 、 M 、 T 等。这些参数代表了真菌的基本特征和环境参数。因此，我们的模型非常灵活，对不同的真菌类型和环境(基本上是温度和湿度)非常敏感。因此，在不同的条件下应用我们的模型是很容易的。

然而，所提出的模型也有不足之处：

4.2 弱点

- **参数调整的困难**尽管我们模型中的多个参数确保了模型的灵活性，但参数的调整和设置需要额外的数据收集，如果研究对象没有开放访问数据，这将是耗时和困难的。
- **缺乏理论解释**我们的模型给出了各种因素之间的经验关系，并刺激了真菌在不同情况下的生长和分解。然而，这些现象的理论生物学机制尚未确定，需要进一步研究。

5 文章

真菌在生态系统中作用的最新进展

任何生态系统都具有能量流动、物质循环和信息传递的基本功能。

生态系统中的物质循环包括两个相对的过程：生物合成和生物降解。前者是无机物的有机过程，主要由绿色植物和一些无机营养微生物完成。后者是有机物的无机过程，主要由森林微生物完成，即森林垃圾的分解过程。垃圾分解一般包括三个阶段：浸出阶段、破碎阶段和有机物分解代谢阶段。

与物质分解有关的土壤生物有两类，即土壤动物和土壤微生物。它们不仅在形态和结构上不同，而且在物质分解过程中发挥着不同的作用。^{从枯枝落叶的分解过程来看，动物的分解主要是机械破碎，而微生物则参与了枯枝落叶分解的生化过程。}

土壤微生物是指生活在土壤中的微生物的总称。作为分解者，它们是森林生态系统中不可或缺的一部分。枯枝落叶层中营养基质的多样性决定了分解者的多样性。细菌、放线菌、真菌（包括酵母）、藻类和原生动物都参与了有机物的分解。真菌，尤其是丝状真菌，被认为在枯枝落叶分解中起着重要作用。

真菌对枯枝落叶的分解是一个基于分解细胞水平的酶促过程。真菌的菌丝可以渗透到植物碎屑中，分泌胞外酶，降解枯枝落叶中所含的难降解物质（如木质素），从而软化植物碎屑，改变枯枝落叶的结构和化学成分。基于此，真菌在生态系统中发挥着以下重要作用。

- 参与碳循环，维护生态系统平衡。微生物呼吸产生的CO₂约占植物光合作用所需总CO₂的80%，真菌约占13%。因此，真菌与维持森林生态系统的平衡密切相关，在全球陆地碳循环中发挥着至关重要的作用。
- 参与土壤养分循环，提高森林生产力。氮和磷是生命活动所必需的营养素。真菌参与分解
例如，土壤中的真菌将尿素转化为NH₄⁺和NO₃⁻，可以
被森林植物吸收和利用。磷被微生物暂时富集后释放，增加了磷的有效性，提高了森林植物对磷的利用效率。
- 参与植物修复以提高植物的抗逆性。在被金属或有机化合物污染的土壤中，菌根可以通过增加菌根区有机污染物的降解来降低土壤中污染物的生物可吸收浓度，从而有助于植物的抗性。
- 分解植物枯枝落叶，促进腐殖酸的形成。土壤真菌能促进根系周围有机质形成腐殖酸。腐殖酸盐

含有大量的官能团，不仅可以改善土壤，还可以刺激作物生长。土壤中腐殖酸含量的增加直接促进了植物的生长发育。

- 提供屏障以减少病原体入侵。为了保护植物的根系生长免受病原体和昆虫的侵害，根际真菌等土壤微生物会寄生并定植在土壤植物的根系周围，形成物理保护层。

然而，真菌生长和分解的效率受到环境和不同种类真菌之间相互作用的影响。在我们的研究中，我们得出以下结论。

- 真菌与物种相互作用的影响

从短期来看，不同种类真菌之间的相互作用没有明显影响。这是因为在初始阶段，木材的剩余量，即营养物质是充足的。即使真菌的生长速度有限，它们的生长过程也以类似的指数形式发生。因此，在短期内，竞争的影响并不明显。然而，从长远来看，考虑真菌竞争的影响是巨大的。当我们不考虑相互作用时，每种真菌都以独立的速度生长，其中 N_i 的数量强度要高得多。在考虑相互作用后， N_i 的一般数减少了很多。这是因为当木质纤维被分解时，营养物质变得越来越有限。在这种条件下，真菌之间的竞争使它们的生长极为缓慢。因此，它们的量 N_i 非常低。

- 环境对真菌的影响

从我们的敏感性实验结果来看，接近最佳温度的温度变化会对真菌活性产生更大的影响。如果当地天气发生异常变化，真菌的生长和木质纤维的分解效率会更低，变化也更不可预测。对于湿度来说，如果太干，真菌的活性也会受到很大限制。

总之，真菌作为分解者，在生态系统中发挥着重要作用。抽象地说，真菌分解的重要意义在于将这些与生物体结合的化学物质重新释放到自然界中。生物体可以使用的化学物质有限。如果这些化学物质总是无限期地与死去的生物体结合在一起，不能被活的生物体利用，那么生物体的生命最终就会结束。

参考文献

- [1] 严海元、顾锡荣、沈虹。森林垃圾的微生物分解。生态学杂志 ,029 (009) :1827–18352010。
- [2] 王相娥 ,薛丽 ,谢腾芳。垃圾分解综述。土壤公报 , (06) :1473–14782009。
- [3] 张淑贤。森林枯叶分解过程中真菌的特征。生态学杂志 , (06) :30-321988。
- [4] S.D.Frey、J.Six和E.T.Elliott。分解真菌在土壤-枯枝落叶层界面上碳和氮的相互转移。土壤生物学与生物化学 ,35 (7) :1001–10042003。
- [5] Nicky Lustenhouwer、Daniel S.Maynard、Mark A.Bradford、Daniel L.Lindner、Brad Obele、Amy E.Zanne和Thomas W.Crowther。基于性状的对真菌分解木材的理解。《美国国家科学院院刊》 ,117 (21) :11551-115582020。
- [6] 陈。杉木叶内生真菌的多样性及其对枯枝落叶分解的影响。博士论文 ,2020年。
- [7] 裴蓓和高国荣。枯枝落叶分解对森林土壤碳库影响的研究进展。中国农业公报 ,34 (26) :64-701018。
- [8] 于书玲。腐生真菌在有机物分解过程中的研究进展。河北师范大学学报 ,27 (5) :519-522 ,2003.7。
- [9] S.Findlay ,J.Tank ,S.Dye ,H.M.Valett ,P.J.Mulholland ,W.H.Mcdowell ,S.L.Johnson ,S.K.Hamilton、J.Edmonds和W.K.Dodsw。B.鲍登。源头溪流碎屑池中细菌和真菌生物量的跨系统比较。微生物生态学 ,43 (1) :55-662002。
- [10] 陈华、马克·E·哈蒙、罗伯特·P·格里菲斯和威廉·希克斯。温度和湿度对分解木质根所呼吸的碳的影响。森林生态与管理 ,138 (1-3) :51-642000。
- [11] 奥利弗·迪利和让-查尔斯·蒙奇。黑杨落叶分解过程中的微生物生物量、基础呼吸和酶活性森林土壤生物学与生物化学 ,28 (8) :1073–10811996。
- [12] 安娜·K·班迪克和理查德·P·迪克。田间管理对土壤酶活性的影响。土壤生物学与生物化学 ,31 (11) :1471–14791999。
- [13] 张瑞清 ,孙振军 ,王冲 ,袁堂玉。西双版纳热带雨林落叶分解的生态过程。iii.酶动力学。《中国林业前沿》 ,2009年3月4日 ,28-37。
- [14] Peter M.Vitousek、Douglas R.Turner、William J.Parton和Robert L.Sanford。毛那罗亚环境基质上的垃圾分解 ,夏威夷 :模式、机制和模型。生态学 ,75 (2) ,1994年。

- [15] 白永飞、李凌浩、李欣、王其兵。模拟气候变化对三个草地植物群落混合枯枝落叶分解的影响。《植物生态学杂志》,24 (6) :674–6792000。
- [16] T.R.Moore、J.A.Trofymow、B.Taylor、C.Prescott、C.Camiré、L.Duschene、J.Fyles , L.Kozak , M.Kranabetter , 以及I.和Morrison。加拿大森林中的垃圾分解率。《全球变化生物学》,5 (1) :75-821010。
- [17] Klaus Lorenz、Caroline M Preston、Stephan Raspe、Ian K Morrison和Karl Heinz Feger。加拿大和德国云杉生态系统中的枯枝落叶分解和腐殖质特征 :来自单宁分析和 ^{13}C -cpmas核磁共振的信息。《土壤生物学和生物化学》,32 (6) ,2000年。
- [18] 格拉迪斯·洛兰热、让-弗朗索瓦·庞奇、丹尼尔·伊伯特和帕特里克·拉维尔。两种半常绿热带森林的叶片分解 :枯枝落叶质量的影响。《土壤生物学与肥力》,35 (4) : 247-2522002。
- [19] 李秀云和李润祥。影响森林垃圾分解的因素。《农民财富之友》,(20) ,2012年6月。
- [20] 林格伦D.温度对自发突变率的影响。i.文献综述。《遗传》,70 (27) :165-781972。
- [21] M.-N.Leclercq Perlat、M.Sicard、I.C.Trelea、D.Picque和G.Corriveau。温度 和相对湿度影响卡门贝尔干酪成熟的微生物和理化特性。《乳制品科学杂志》,95 (8) : 4666–46822012。
- [22] 汉斯·比斯万格。酶的pH和温度依赖性 ,第6章 ,第145页–152.John Wiley&Sons有限公司 ,2017年。
- [23] 李,傅,张,马,陆。71的相关模拟研究C方法公式和阿伦尼斯公式。2020年亚太图像处理、电子和计算机会议 (IPEC) ,第330-3332020页。
- [24] J.Konecý、J.Liu、P.Richtárik和M.Takáć。近端环境中的小批量半随机梯度下降。《IEEE信号处理主题选刊》,10 (2) :242–2552016。
- [25] 科林·P·D·伯奇。一个新的广义logistic sigmoid增长方程与richards增长方程的比较。《植物学年鉴》,83 (6) :713–7231999年。
- [26] 方森、梁敏霞、刘旭冰、李文斌、黄二涵、余世晓。亚热带森林中腐生真菌的丰度决定了丛枝菌根和外生菌根树落叶的分解速率。《土壤生物学和生物化学》,149:107966 ,2020年8月。
- [27] A.Pedro Goncalves、Jens Heller、Adriana M.Rico Ramírez、Asen Daskalov、Gabriel Rosenfield和N.Louise Glass。冲突、竞争和合作调节丝状真菌的社会互动。《微生物学年度评论》,74 (1) :693–7122020。
- [28] Aurélie Deveau、Gregory Bonito、Jessie Uehling、Mathieu Paoletti、Matthias Becker、Saskia Bindschedler、Stéphane Hacquard、Vincent Hervé、Jessy Labbé、Olga A Lastovet sky、Sophie Mieszkin、Larry J Millet、Balázs Vajna、Pilar Junier、Paola Bonfante、Basti aan P Krom、Stefan Olsson、Jan Dirk van Elsas和Lukas Y Wick。细菌-真菌相互作用 :生态学、机制和挑战。《FEMS微生物学评论》,42 (3) :335–3522018年2月。