

PROJEKT: FUNGAL GROWTH SIMULATION

**KOD KURSU: 120-ISI-1S-777
PRZEDMIOT: SYMULACJA SYSTEMÓW DYSKRETNYCH
(SSD)**

Autorzy projektu

Diana Misiaczyńska
Natalia Kwiecień
Oliwier Maj

Opiekun projektu

Dr hab. inż. JAROSŁAW WĄS prof. AGH
Dr inż. MARCIN PIEKARCZYK



EAIIIB / Katedra Informatyki Stosowanej
Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w
Krakowie
Kraków, Polska

15 stycznia 2025 r.

Spis treści

1 CEL I ZAKRES PROJEKTU	1
1.1 Cel projektu	1
1.2 Oczekiwane rezultaty	1
2 CHARAKTERYSTYKA PROBLEMU	2
3 DANE PORÓWNAWCZE	6
4 MODEL FORMALNY	8
4.1 Opis siatki	8
4.2 Parametry siatki	9
4.3 Parametry modelu	10
4.4 Matematyczny opis modelu	11
4.4.1 Wzrost strzępki	11
4.4.2 Rozgałęzienia i anastomoza	12
4.4.3 Pobór substancji odżywczych oraz translokacja	12
4.5 Algorytm	14
5 REALIZACJA PRAKTYCZNA	15
5.1 Założenia projektowe	15
5.2 Oprogramowanie	15
5.3 Szczegóły implementacji	16
5.4 Moduł parametrów	16
5.5 Moduł tworzenia stanu początkowego	17
5.6 Moduł symulacji	19
6 REZULTATY SYMULACJI	21
6.1 Eksperyment 1	21
6.2 Eksperyment 2	22
6.3 Eksperyment 3	23
6.4 Eksperyment 4	24

7 DYSKUSJA WYNIKÓW	25
8 PODSUMOWANIE	26
Bibliografia	28

1. CEL I ZAKRES PROJEKTU

1.1 Cel projektu

Celem projektu jest opracowanie symulacji wzrostu sieci grzybni z wykorzystaniem automatów komórkowych, umożliwiającej badanie ogólnych procesów biologicznych charakterystycznych dla tego organizmu. Ze względu na złożoność, wierne odwzorowanie wszystkich mechanizmów biologicznych może być trudne, jednak zastosowanie modelu probabilistycznego pozwala na symulację kluczowych procesów, takich jak eksploracja i eksploatacja w zależności od gęstości rozmieszczenia składników odżywcznych. Szczególny nacisk położono na możliwość dostosowywania wielu parametrów środowiskowych oraz intuicyjne tworzenie stanu początkowego

1.2 Oczekiwane rezultaty

Oczekiwany rezultatem projektu jest opracowanie aplikacji umożliwiającej szybkie i intuicyjne testowanie różnych scenariuszy wzrostu sieci grzybni. Aplikacja powinna zapewniać użytkownikowi możliwość definiowania stanu początkowego symulacji, obejmującego zarówno parametry modelu, takie jak tempo dyfuzji składników odżywcznych, intensywność wzrostu końcówek oraz stopień rozgałęzień, jak i parametry środowiskowe.

System powinien automatycznie generować środowisko symulacji, eliminując konieczność ręcznego ustawiania wartości dla każdej komórki, co pozwoli na efektywną analizę ogólnych schematów i dynamiki wzrostu sieci. Dodatkowo, zastosowanie dynamicznej kolorystyki komórek ma na celu ułatwienie interpretacji wyników, umożliwiając użytkownikowi łatwą identyfikację procesów zachodzących w symulacji. Aplikacja powinna umożliwić analizę procesów zachodzących w sieci grzybni w różnych warunkach środowiskowych.

2. CHARAKTERYSTYKA PROBLEMU

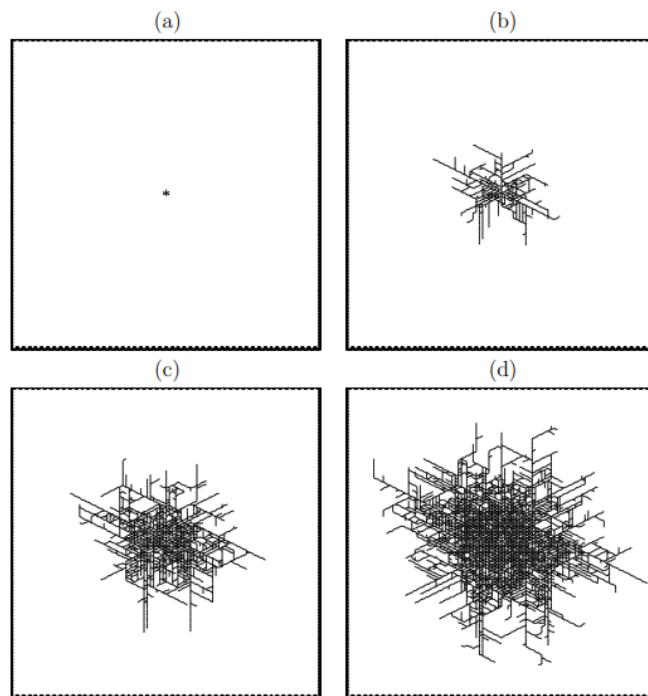
Symulacja wzrostu sieci grzybni stanowi wyzwanie ze względu na jej złożoność biologiczną oraz różnorodność procesów zachodzących zarówno na poziomie w mikro- oraz makroskali. Grzybnia może zajmować znaczne obszary, chociaż poszczególne strzępki, z których jest zbudowana mają mikroskopijne rozmiary. Brak centralnego systemu sprawia, że wzrost sieci grzybni opiera się na lokalnych interakcjach, które prowadzą do wysoce zorganizowanych struktur.

Główną inspirację dla naszego projektu stanowi artykuł autorstwa G. Boswella "The development of fungal networks in complex environments" [1]. Zaproponowano tam podejście probabilistyczne, w którym każda z heksagonalnych komórek symbolizuje jednorodne środowisko ze składnikami odżywczymi, w którym rozrastają się strzępki. Boswell szczególną uwagę poświęcił właśnie składnikom odżywczym - wchłanianiu ich, rozprowadzaniu ich przez strzępki oraz ich wpływie na kierunek wzrostu w zróżnicowanym środowisku.

Model opiera się na siatce heksagonalnej, w którą wpisana jest trójkątna siatka strzępek. W każdym kroku czasowym dochodzi obliczane jest prawdopodobieństwo w wzroście w danym kierunku, w zależności od ilości składników odżywczych znajdujących się w sieci.

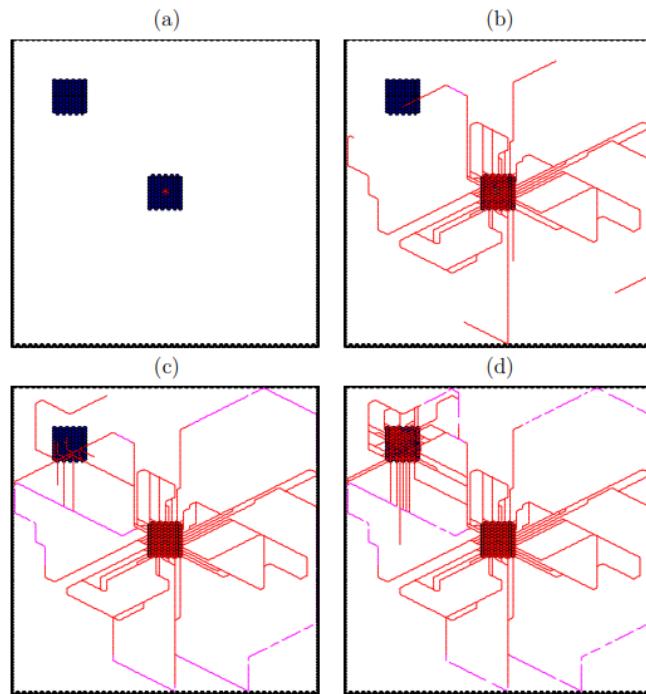
Następnie opisano zachowanie modelu w różnych środowiskach:

- W jednorodnym środowisku, gdzie składniki są równomiernie rozłożone, grzybnia rozwija się w sposób fraktalny, gęstniejąc w miarę ekspansji, przy czym największa koncentracja biomasy występuje w centrum kolonii.



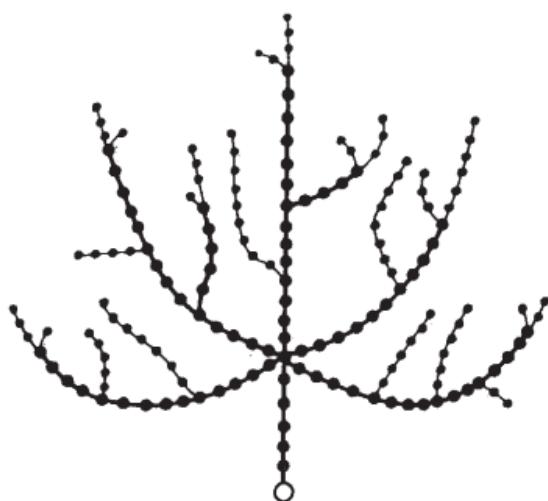
Rysunek 2.1: Model wzrostu grzybni w jednorodnym środowisku
Źródło: Boswell et al. 2007 [1]

- W środowisku heterogenicznym, gdzie składniki odżywcze są rozmieszczone plamowo, obserwuje się dwie fazy wzrostu: eksploracyjną, charakteryzującą się szybkim wzrostem przy niewielkim rozgałęzieniu w poszukiwaniu zasobów, oraz eksploatacyjną, gdzie wzrost jest wolniejszy, ale bardziej zagęszczony, co prowadzi do wzajemnego łączenia się strzępek.
- W środowisku czasowo heterogenicznym, gdzie dostępność zasobów zmienia się w czasie, nieaktywne strzępki mogą się reaktywować w odpowiedzi na pojawienie się nowych składników odżywczych, co pozwala grzybni adaptować się do zmiennych warunków.



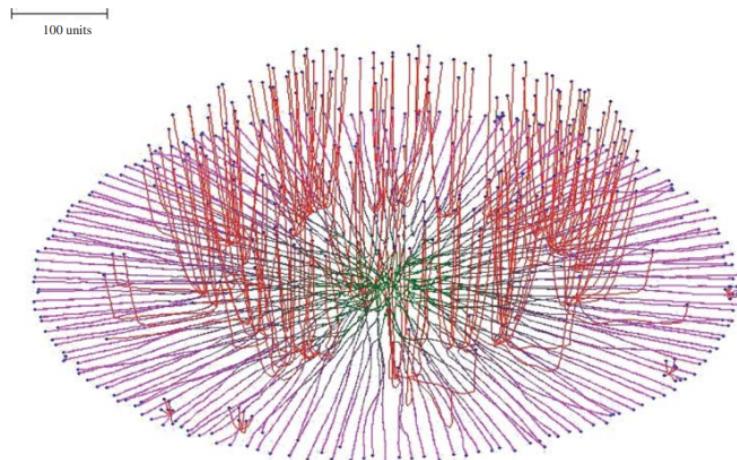
Rysunek 2.2: Model wzrostu grzybni w fazie eksploracyjnej i eksploatacyjnej
Źródło: Boswell et al. 2007 [1]

Jako pierwszy model bezsiatkowy zaproponował D. Cohen w artykule "Computer simulation of biological pattern generation processes" [2]. Strzepki są w nim reprezentowane poprzez serię połączonych odcinków, które zawierają informacje o ich położeniu, orientacji, połączeniach oraz zawartości składników odżywcznych.



Rysunek 2.3: Pierwszy bezsiatkowy model grzybni
Źródło: D. Cohen 1967 [2]

Pomysł był potem wielokrotnie wykorzystywany, między innymi przez A. Meskauskasa w 2004 r. [3] - jego praca wykorzystywała dodatkowo system "wyczuwania sąsiadów", która umożliwiła zaimplementowanie mechanizmu reakcji ruchowej na bodźce zewnętrzne, tendencji do wzrostu w linii prostej, czy reakcji na pole elektryczne. Modelowi brakowało dalej jednak właściwości anastomozy - aby osiągnąć ją w modelu bez siatki, w każdej iteracji należy sprawdzać, czy żadne dwa odcinki się nie przecinają.



Rysunek 2.4: Model bezsiatkowy wykorzystujący "wyczuwanie sąsiadów"

Źródło: A. Meskauskas 2007 [2]

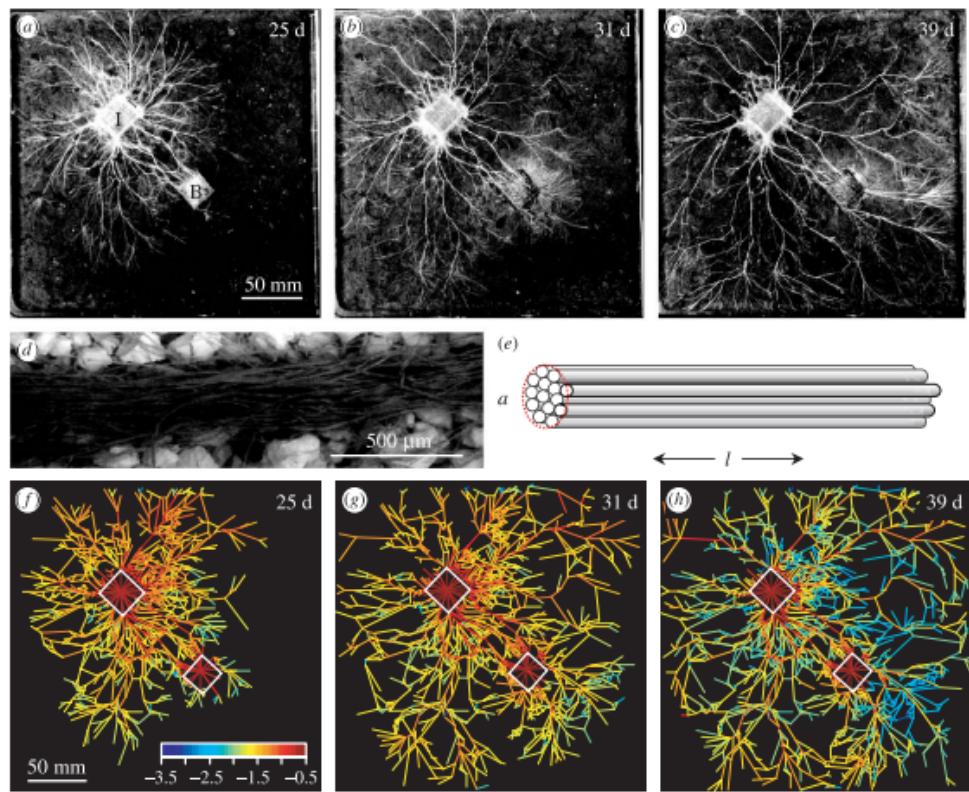
Pierwszy model bezsiatkowy uwzględniający ten proces został opracowany przez Carrera i Boswella w 2008 r. [4]. Dodatkowo w ich podejściu wzrost strzępek był proporcjonalny do stężenia związków odżywczych w danym odcinku. Kluczowym udoskonaleniem było modelowanie orientacji strzępek za pomocą tzw. "zawężonego" losowego spaceru kołowego, dzięki czemu zaobserwowano tworzenie się strzępek rdzeniowych (fungal cords), dzięki czemu sieć przypominała przepływy prądów w obwodach elektrycznych, co jest zgodne z obserwacjami.

3. DANE PORÓWNAWCZE

Aby porównać wynik symulacji z danymi rzeczywistymi, zgromadziliśmy artykuły, które skupiają się na odnajdywaniu substancji odżywczych przez grzybnię. Jednym z ciekawszych jest eksperyment autorstwa Daniela Bebbera "Biological solutions to transport network design" [5], w którym porównano sieć grzybni do infrastruktury transportowej.

Eksperymenty przeprowadzono w zamkniętych mikrośrodowiskach, gdzie grzyb rósł na sprasowanej glebie w obecności drewnianych bloków symulujących zasoby odżywcze. W miarę wzrostu sieci grzyb rozbudowywał i wzmacniał konkretne połączenia, tworząc system transportowy, który maksymalizuje przepływ substancji odżywczych między węzłami (źródła żywności - drewo) przy jednoczesnym zachowaniu odporności na uszkodzenia. Autorzy zauważali, że grzyb dynamicznie modyfikuje grubość i rozmieszczenie tych połączeń – co wzmacnia kluczowe odcinki sieci – w odpowiedzi na dostępność nowych zasobów i ewentualne uszkodzenia struktury.

Proces dynamicznego wzmacniania i recyklingu zbędnych fragmentów sieci jest możliwy dzięki zdecentralizowanej strukturze grzybów, która nie wymaga centralnego „mózgu”. To właśnie lokalne reakcje grzyba na zmieniające się warunki pozwalają na tworzenie struktury zoptymalizowanej pod kątem wydajności i odporności. Dzięki temu jest to inspiracja dla projektowania sieci transportowych.



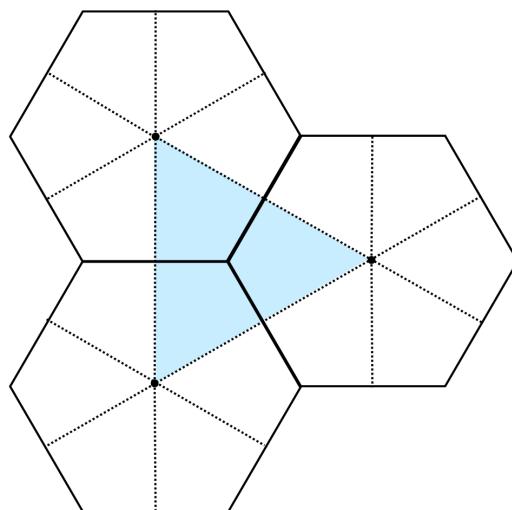
Rysunek 3.1: Grzybnia rozrastająca się z drewnianego bloczka w celu poszukiwania nowych źródeł pożywienia.
Źródło: D. Bebber 2007 [2]

Na zdjęciu 3.1 sieć grzybni jest najbardziej gęsta w miejscu, gdzie jest największej skąpaników odżywczych (na drewnianym bloczku). Można również zaobserwować, że rozrastając się w celu poszukiwaniu nowego źródła pożywienia jej rozgałęzienia są rzadsze.

4. MODEL FORMALNY

4.1 Opis siatki

Model działa na bazie automatu komórkowego, zdefiniowanego na siatce heksagonalnej, w której każda komórka jest jednorodną przestrzenią materii. Strzepki reprezentowane są jako krawędzie siatki trójkątnej, osadzonej na połączeniach środków sześciokątów. Końcówki sieci, będziemy zatem rozpoznawać jako wierzchołki tych trójkątów - jeżeli w komórce znajduje się tylko jedna taka strzepka.

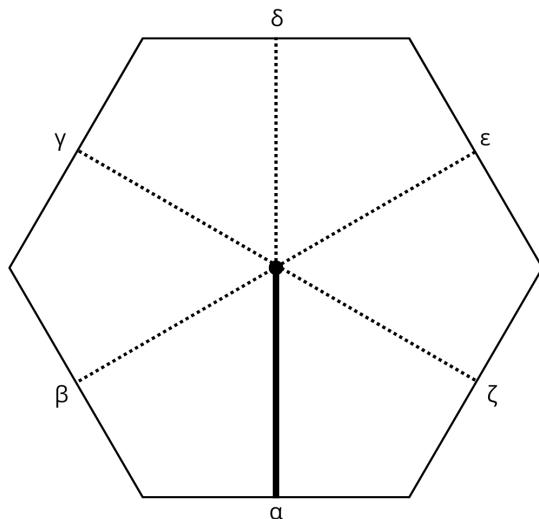


Rysunek 4.1: Schemat siatki, gdzie linie ciągłe są granicami heksagonalnej siatki środowiska, a linie przerwywane - trójkątnej siatki strzepków.

Źródło: opracowanie własne, <https://www.canva.com/>

4.2 Parametry siatki

Każda komórka modelu będzie zawierała następujące parametry, przy czym k to położenie kolejnych strzepków w komórce (na rysunku 4.2 rozpoczynając od α , zgodnie z kierunkiem ruchu wskazówek zegara).



Rysunek 4.2: Schemat komórki z jedną strzepką (końcówką).

Źródło: opracowanie własne, <https://www.canva.com/>

- $m(k, t)$ - obecność strzepki w położeniu k w chwili t , gdzie: $m(k, t) = 1$, gdy strzepka jest obecna, i $m(k, t) = 0$, gdy jej brak;
- $s_e(t)$ - zawartość składników odżywczych w środowisku w chwili t ;
- $s_i(k, t)$ - zawartość składników odżywczych wewnętrz danej strzepki w chwili t ;
- $p(t)$ - obecność końcówki, przyjmuje wartość 0 lub 1, w zależności od tego, czy komórka zawiera dokładnie jedną strzepkę;

4.3 Parametry modelu

W celu testowania różnych scenariuszy, użytkownik będzie mógł kontrolować wzrost sieci grzybni na podstawie przedstawionych poniżej parametrów.

Parametr	Nazwa w aplikacji	Zakres	Wyjaśnienie	Ref.
D_p	Growth parameter	[0, 2]	Parametr wzrostu, można nim kontrolować prawdopodobieństwo wzrostu; dla wartości >1 strzepka będzie potrzebować do niego mniej substancji odżywcznych.	4.3 , 4.4 , 4.1
v	Growth forward parameter	[0, 1]	Dodatkowy parametr wzrostu "w przód", charakteryzuje na ile sieć jest skłonna do minimalizowania zakrętów.	4.3
b	Branching parameter	[0, 1]	Parametr rozgałęzień, charakteryzuje skłonność sieci do rozgałęzień	4.5
d_1	Diffusion parameter	[0, 1]	Parametr dyfuzji, charakteryzuje jak szybko sąsiednie strzepki będą przekazywać sobie substancje odżywczne.	4.8
d_2	Cell movement parameter	[0, 1]	Parametr ruchu komórek w kierunku końcówek, dzięki niemu substancje odżywczne poruszają się w kierunku końcówek, co umożliwia szybszy ich wzrost.	4.9
c_1	Cell creation substrate parameter	[0, 100]	Ilość substancji odżywcznych potrzebnych do stworzenia nowej strzepki.	4.6
c_2	Environment substrate parameter	[0, 1]	Procent substancji odżywcznych pobieranych przez strzepkę z otoczenia w danym kroku czasowym.	4.7

4.4 Matematyczny opis modelu

Model probabilistyczny został zainspirowany artykułem "The Development of Fungal Networks in Complex Environments" autorstwa G. Boswella [1].

4.4.1 Wzrost strzępki

Ze względu na to, że sieć grzybni wzrasta poprzez dodanie materiału na końówkach, w każdym kroku czasowym t powyższe parametry będą sprawdzane dla każdej komórki, dla której $p(t) = 1$, a następnie za pomocą poniższych równań obliczone zostanie prawdopodobieństwo $P(k, t)$ wzrostu dla każdego kierunku, według poniższych wzorów:

$$P(\alpha, t) = P(\beta, t) = P(\zeta, t) = 0 \quad (4.1)$$

$$P(\gamma, t) = \epsilon(t) = D_p s_i(\gamma, t)/800 \quad (4.2)$$

$$P(\delta, t) = D_p s_i(\delta, t)(1 + v)/800 \quad (4.3)$$

$$P(\epsilon, t) = D_p s_i(\epsilon, t)/800 \quad (4.4)$$

gdzie:

- $D_p \in [0, 2]$ - parametr wzrostu;
- $v \in [0, 1]$ - dodatkowy parametr wzrostu zapewniający, że prawdopodobieństwo wzrostu prosto jest największe;
- $s_i \in [0, 100]$ - zawartość składników odżywczych wewnętrz danej strzępki.

Wyjaśnienie: Strzępka nie może zawrócić, a ostre zakręty nie są obserwowane w naturze, zatem w tych kierunkach prawdopodobieństwo wzrostu wynosi 0. Sieć wzrasta dlatego w jednym z trzech kierunków, jednak ponieważ wzrost bez odchylenia jest bardziej prawdopodobny, zostało to zapewnione poprzez dodanie parametru v . W każdej iteracji, jeżeli prawdopodobieństwo sumy wzrostów w każdym kierunku przekroczy 0.5, strzępka wzrasta w kierunku o największym prawdopodobieństwie.

4.4.2 Rozgałęzienia i anastomoza

Zgodnie z literaturą, rozgałęzienie się końcówki jest bardziej prawdopodobne, w środowisku bogatszym o związki odżywczne, zatem w każdej iteracji obliczone zostanie prawdopodobieństwo rozgałęzienia, jako:

$$B(k, t) = bs_i(k, t)/100 \quad (4.5)$$

gdzie $b \in [0, 1]$ to parametr skłonności do rozgałęzień.

Jeżeli przekroczy ono 0.5 dojdzie do rozgałęzienia - utworzone zostaną dwie nowe strzępki (dla 4.2 w kierunku γ oraz ϵ).

Do anastomozy (połączenia się strzępek) dochodzi natomiast gdy końcówka wrośnie w komórkę zajętą już przez inną.

4.4.3 Pobór substancji odżywczych oraz translokacja

Substancje odżywczne są wykorzystywane przez grzybnię do budowania nowego materiału, dlatego podczas wzrostu każdej strzępki ich zawartość wewnętrz grzybni (s_i) będzie redukowana o pewną stałą wartość:

$$c_1 \in [0, 100] \quad (4.6)$$

właściwą dla danego gatunku. Oznacza to również, że jeżeli $s(k, t) < c_1$, to strzępka nie może rosnąć.

Grzybnia pobiera substancje odżywczne z otoczenia za pomocą ścianek strzępek - predkość pobierana jest uzależniona od ich zawartości (im składniki są bardziej skoncentrowane, tym łatwiej jest je pobrać), zatem w każdej iteracji wszystkie strzępki (nie tylko końcówki) będą pobierały ze środowiska

$$C_2(k, t) = c_2 s_e(k, t) \quad (4.7)$$

substancji odżywcznych, gdzie $c_2 \in [0, 1]$ również jest pewną stałą. Naturalnie ta sama liczba składników zostanie odjęta z otoczenia $s_e \in [0, 100]$ (zakładamy tutaj, że pobór jest bezstratny).

Translokacja składników odżywcznych zachodzi poprzez dyfuzję. W celu uproszczenia,

zakładamy, że dla każdej strzępki najpierw zostanie obliczona różnica składników odżywczych po dyfuzji, po czym wszystkie te różnice zostaną dodane do komórek - dzięki temu chcemy uniknąć problemów z wyborem kolejności przemieszczania się składników odżywczych. Ta różnica dla sąsiednich strzępek k, q będzie obliczana jako:

$$D_1(k, q, t) = d_1 \frac{s_i(q, t) + s_i(k, t)}{2} - s_i(q, t) \quad (4.8)$$

gdzie $d_1 \in [0, 1]$ to stała dyfuzji.

Dodatkowo, aby uwzględnić ruch składników w kierunku końcówek, każda końcówka k będzie pobierała dodatkowe składniki od sąsiednich strzępek q o wartości:

$$D_2(k, t) = d_2 s_i(q, t) \quad (4.9)$$

gdzie $d_2 \in [0, 1]$ to stała ruchu komórek.

4.5 Algorytm

W modelu dyskretnym czas jest podzielony na małe kroki, które pozwalają na analizę zachowania sieci grzybni w kolejnych momentach czasowych. Podczas każdego kroku czasowego, zostanie wykonane kolejno:

1. Dla każdej strzepki:
 - (a) Pobór składników odżywcznych z otoczenia (4.7);
 - (b) Translokacja za pomocą dyfuzji (4.8);
2. Dla każdej końcówki:
 - (a) Translokacja za pomocą ruchu komórek (4.9);
 - (b) Prawdopodobieństwo ruchu (4.1 - 4.3) (jeżeli nie przekroczy 0.5 kolejne kroki są pomijane);
 - (c) Prawdopodobieństwo rozgałęzienia (4.5);
 - (d) Wybór kierunku wzrostu bądź rozgałęzienie;
 - (e) Utworzenie nowej końcówki, jeżeli zawiera wystarczająco materiału. Nowa strzepka w celu uproszczenia zawiera tyle wewnętrznych substancji odżywcznych, ile było potrzebnych do jej utworzenia.

5. REALIZACJA PRAKTYCZNA

5.1 Założenia projektowe

Planowana aplikacja zostanie zaprojektowana jako narzędzie desktopowe, bazujące na silniku Unity. System pozwoli użytkownikowi na dostosowanie parametrów symulacji takich jak początkowe rozmieszczenie składników odżywcznych, początkową strukturę grzybni oraz współczynniki wzrostu. Dzięki temu możliwe będzie testowanie wielu scenariuszy. Wyniki symulacji będą wizualizowane w czasie rzeczywistym w formie animacji.

Podczas projektowania kluczowym elementem jest dla nas łatwość obsługi. Ze względu na to, że każda komórka posiada wiele parametrów, użytkownik powinien mieć możliwość skupić się tylko na tych dla niego najważniejszych. Poza możliwością ręcznego tworzenia początkowej mapy, aplikacja powinna umożliwiać automatyczne jej generowanie za pomocą ustalonych parametrów, w szczególności koncentracji składników odżywcznych.

Drugim najważniejszym elementem jest wizualizacja wyników. Stworzona animacja powinna być przejrzysta i jasno obrazować zachodzące procesy.

5.2 Oprogramowanie

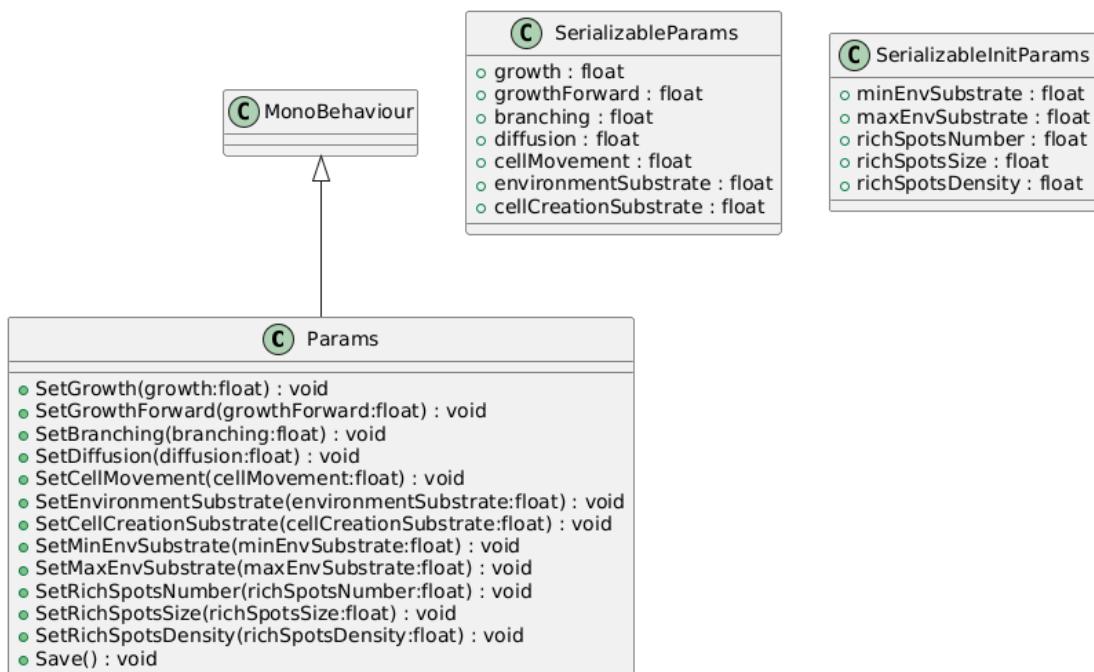
Do realizacji projektu wykorzystano środowisko Unity oraz edytor kodu Visual Studio Code. Unity zapewnia wygodne narzędzia do tworzenia systemów symulacyjnych, dzięki czemu możliwy jest podgląd działania aplikacji od początkowych etapów implementacji. Graficzny interfejs użytkownika Unity ułatwia wizualizację i manipulację środowiskiem symulacji, a liczne wbudowane komponenty i obsługa siatek komórkowych przyspieszają proces rozwoju projektu.

5.3 Szczegóły implementacji

Aplikacja składa się z trzech modułów, inaczej scen w Unity. Odpowiadają one kolejno za: wybór parametrów modelu, tworzenie stanu początkowego oraz samą symulację.

5.4 Moduł parametrów

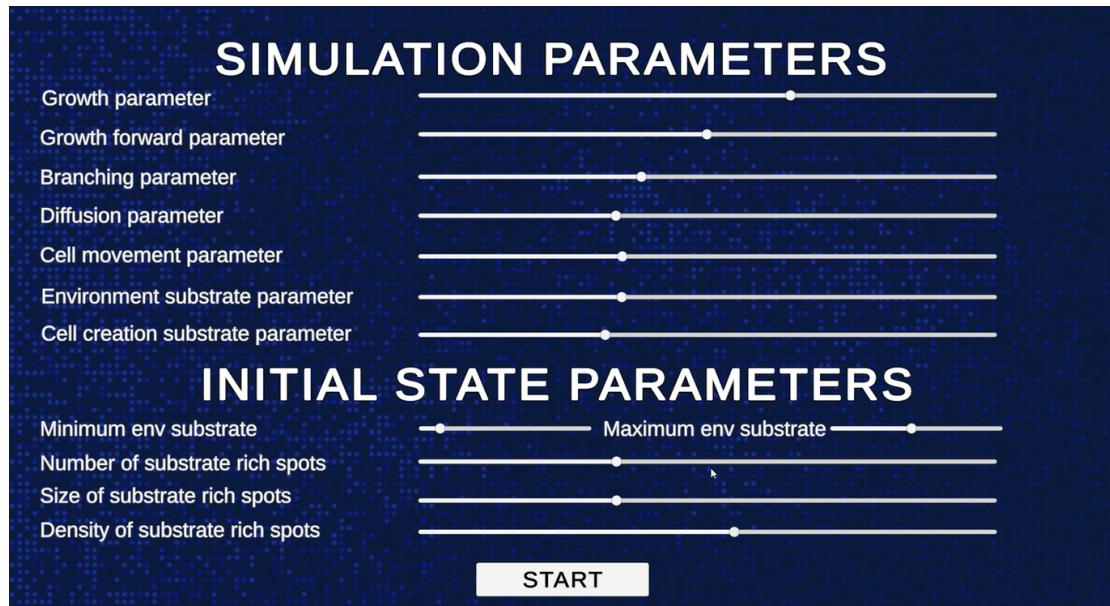
Moduł odpowiada za wybór parametrów modelu oraz parametrów generatora stanu początkowego przy pomocy interfejsu użytkownika (UI). Podczas zapisywania parametrów tworzone są dwa pliki json (na podstawie klas SerializableParams i SerializableInitParams), które są przekazywane do następnego widoku.



Rysunek 5.1: Diagram klas dla modułu parametrów.

Źródło: PlantUML

Interfejs użytkownika wygląda następująco. Został on stworzony przy pomocy komponentu UI wbudowanego w silnik Unity:



Rysunek 5.2: Menu wyboru parametrów

5.5 Moduł tworzenia stanu początkowego

Moduł odpowiada za automatyczne generowanie stanu początkowego oraz jego edycję przez użytkownika.

Klasa Builder.cs odpowiada za reagowanie na ruch użytkownika, czyli w szczególności:

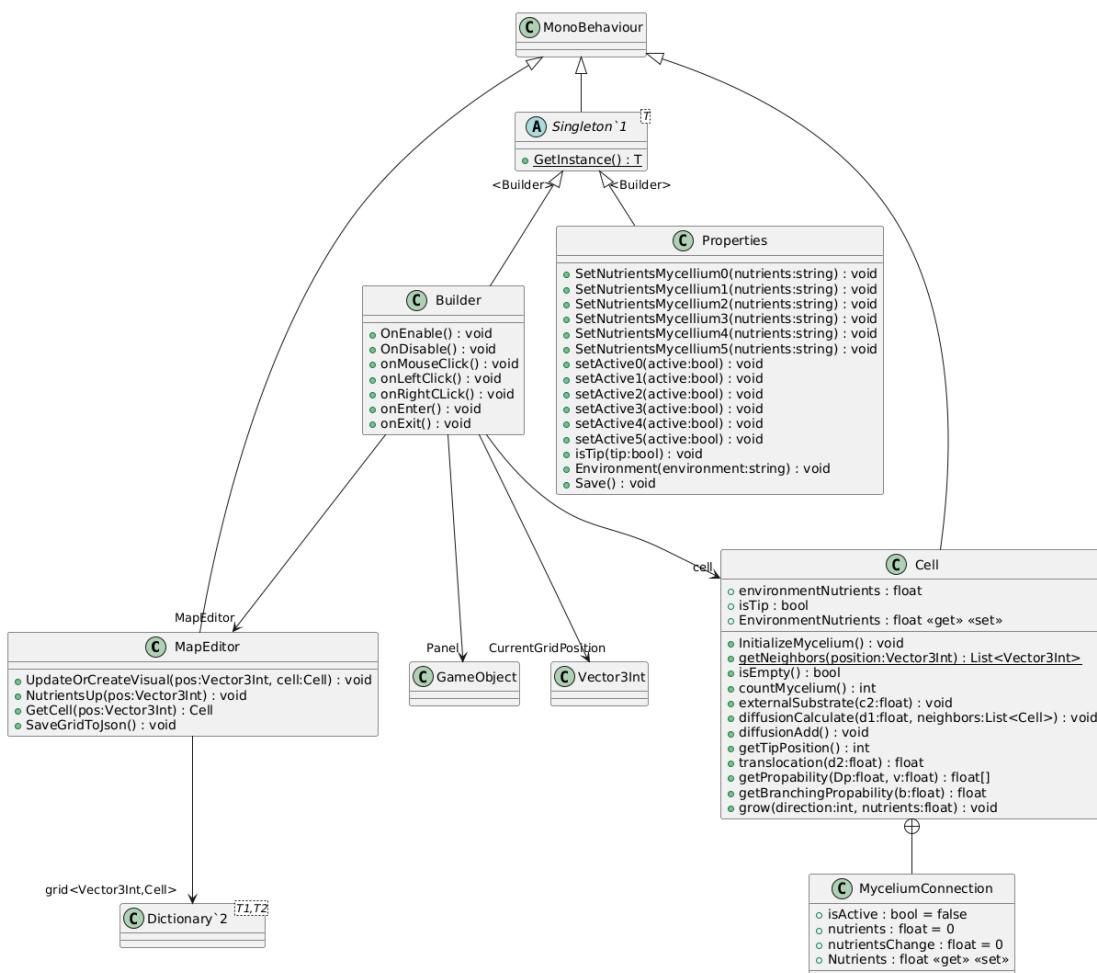
- Prawy przycisk myszy - wyświetlanie okna edycji komórki;
- Lewy przycisk myszy - zwiększenie zawartości składników odżywcznych w danej komórce o 10;
- Klawisz Enter - przejście do kolejnego widoku, rozpoczęcie symulacji.

Klasa MapEditor.cs odpowiada za tworzenie stanu początkowego, który zostanie przekazany do kolejnego widoku, a także za wyświetlanie zachodzących zmian. Przed rozpoczęciem działania automatycznie generuje początkowy układ na podstawie parametrów zapisanych w utworzonym wcześniej pliku json. Parametry te są następujące:

- Minimum/Maximum environment substrate [1, 100] - zakres związków odżywcznych, które stanowią "tło" - zostaną one równomiernie rozłożone na siatce;

- Number of substrate rich spots [0, 1] - procens siatki jaki zostanie pokryty fragmentami o zwiększonej zawartości związków odżywczych;
- Size of substrate rich spots [0, 1] - rozmiar fragmentów o zwiększonej zawartości związków odżywczych w skali siatki;
- Density of substrate rich spots [0, 1] - gęstość fragmentów o zwiększonej zawartości związków odżywczych, inaczej o ile więcej substancji odżywczych zawierają od tła.

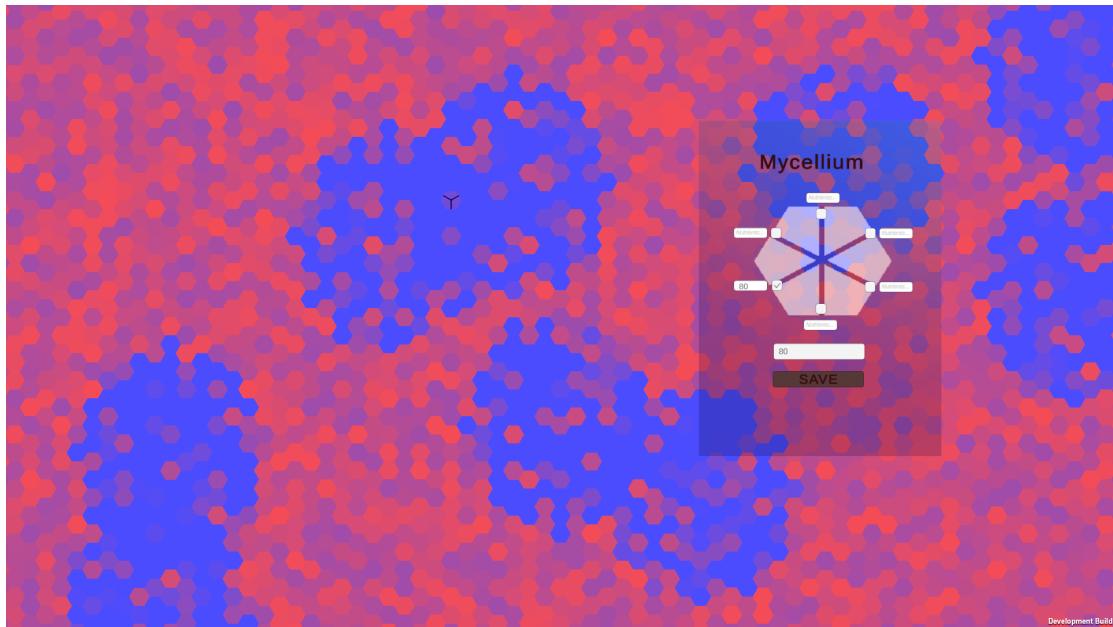
Klasa Properties.cs odpowiada za obsługę okna edycji komórki.



Rysunek 5.3: Diagram klas dla modułu stanu początkowego.

Źródło: PlantUML

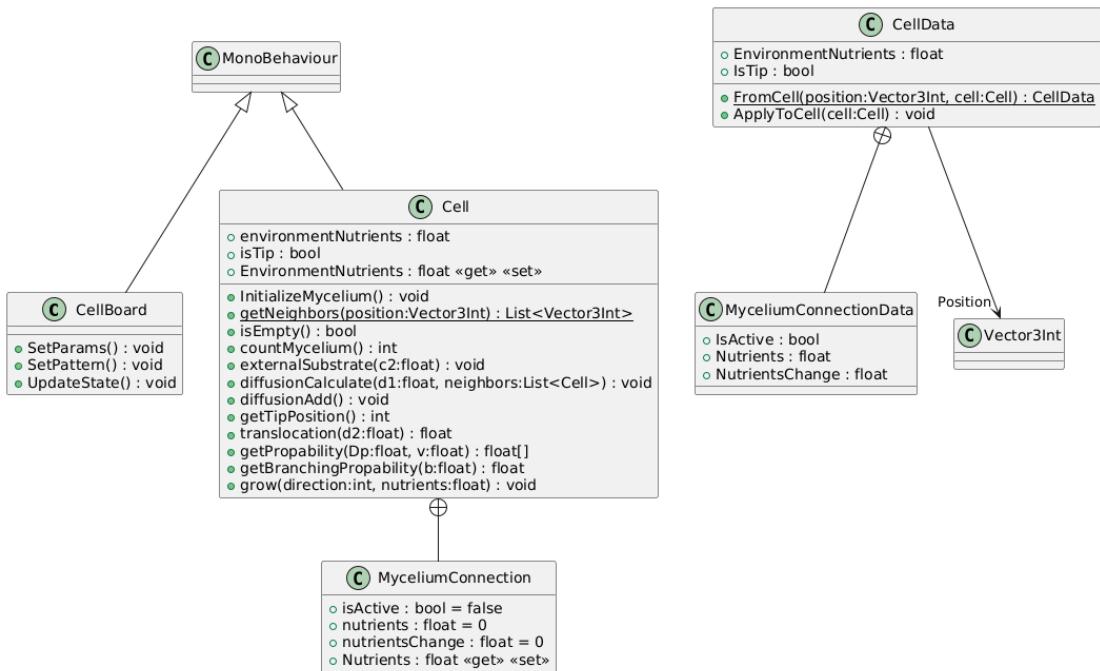
Wygląd tego widoku jest przedstawiony na rysunku 5.4. Czerwone komórki symbolizują fragmenty środowiska ubogie w substancje odżywcze, zaś te niebieskie - fragmenty bogate.



Rysunek 5.4: Widok edycji stanu początkowego

5.6 Moduł symulacji

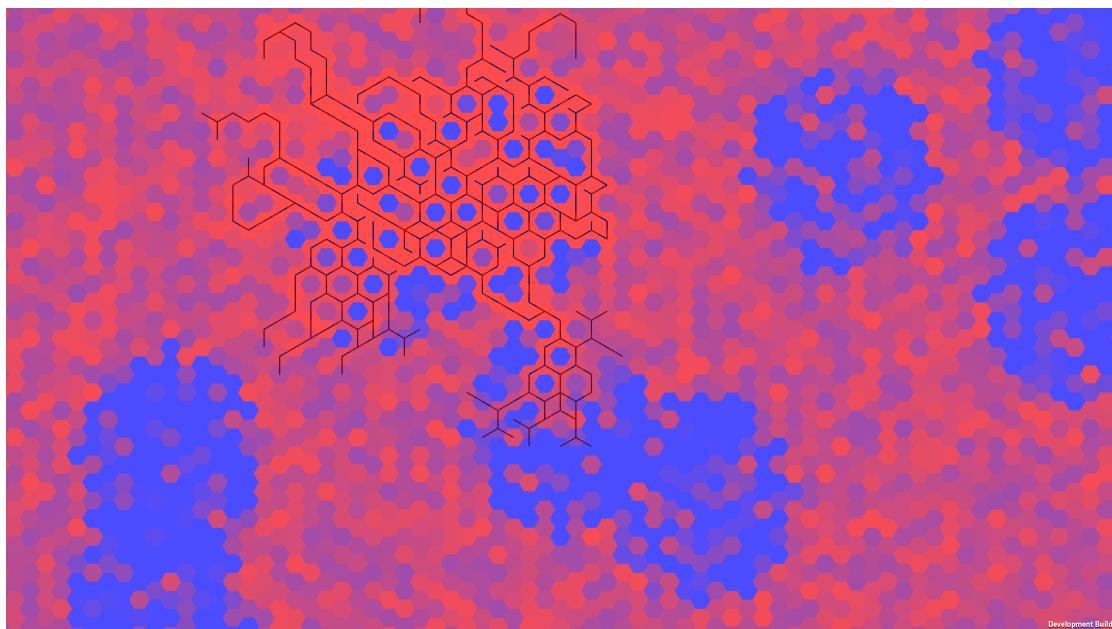
Moduł symulacji stanowi centralny element aplikacji i zajmuje się wykonywaniem wszystkich obliczeń w każdym kroku czasowym.



Rysunek 5.5: Diagram klas dla modułu symulacji.
Źródło: PlantUML

W każdym kroku czasowym w klasie CellBoard.cs wywoływana jest metoda `UpdateState()`, z pomocą której tworzony jest kolejny stan, zgodnie z algorytmem opisany w poprzedniej sekcji.

Na rysunku 5.6 znajduje się przykładowa wizualizacja symulacji.

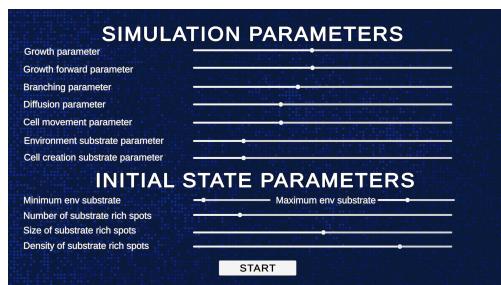


Rysunek 5.6: Widok wizualizacji symulacji

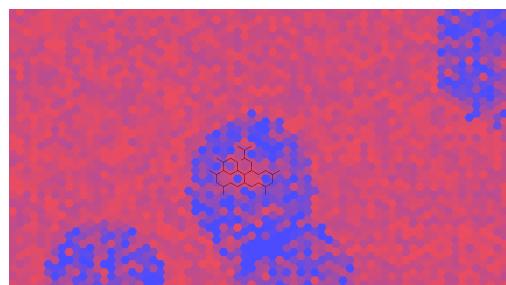
6. REZULTATY SYMULACJI

W ramach projektu przeprowadzono cztery eksperymenty, które miały na celu zbadanie wpływu różnych parametrów środowiskowych i modelu wzrostu na rozwój sieci grzybni.

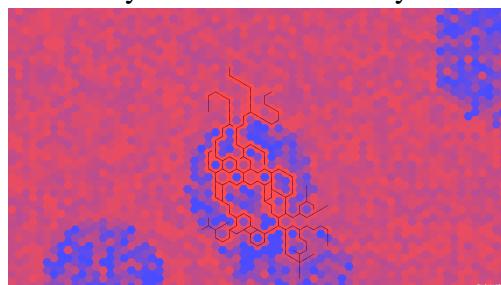
6.1 Eksperyment 1



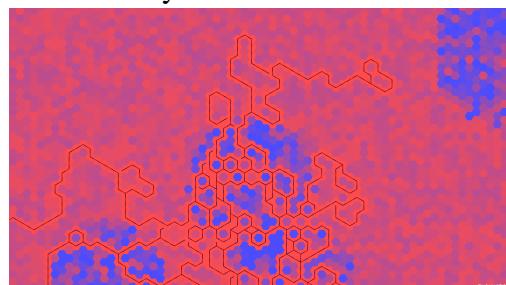
Rysunek 6.1: Parametry



Rysunek 6.2: $t = 5$



Rysunek 6.3: $t = 15$

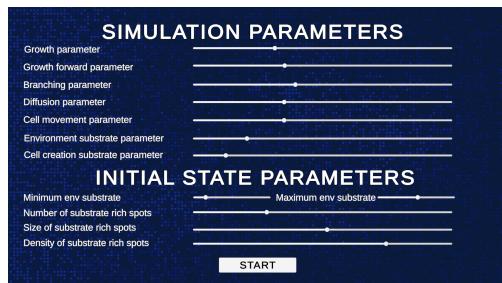


Rysunek 6.4: $t = 40$

Tabela 6.1: Eksperyment 1

Środowisko charakteryzowało się niskim poziomem składników odżywczych w tle, z kilkoma dużymi skupiskami o wysokim zagęszczeniu składników. Grzybnia wykazała wyraźny podział na fazę eksploracyjną i eksplotacyjną. Początkowy wzrost był intensywny w poszukiwaniu bogatych źródeł, a po ich osiągnięciu sieć skoncentrowała się na ich efektywnym wykorzystaniu. Rozwój był relatywnie powolny, ale skoncentrowany wokół zasobów.

6.2 Eksperyment 2



Rysunek 6.5: Parametry

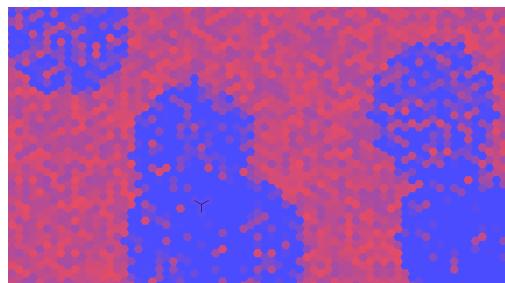
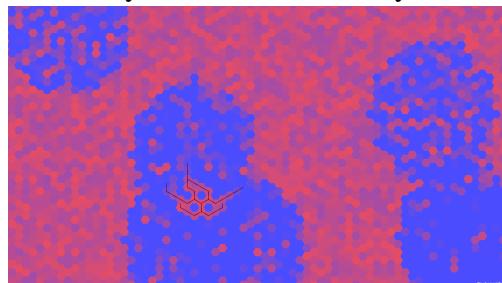
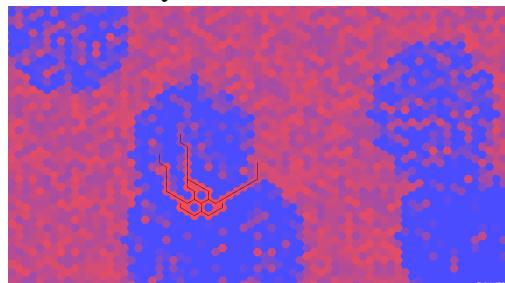
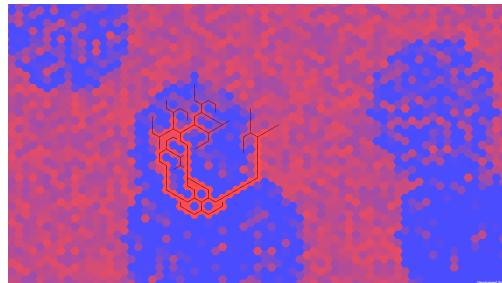
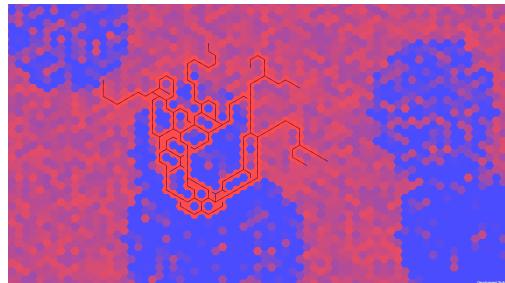
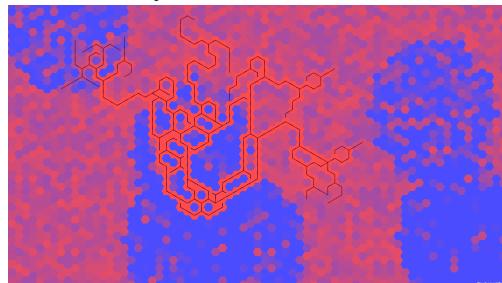
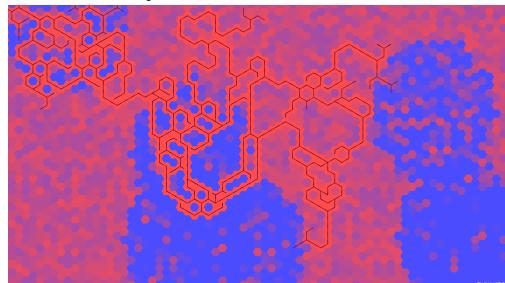
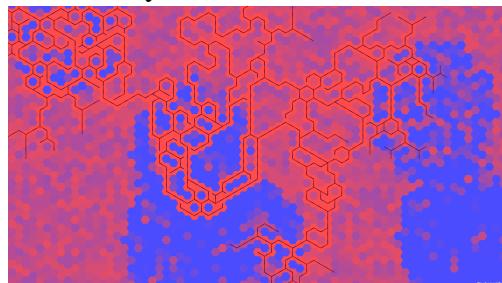
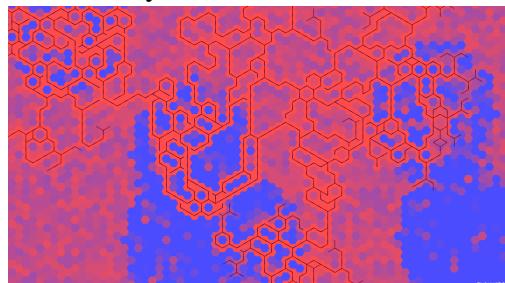
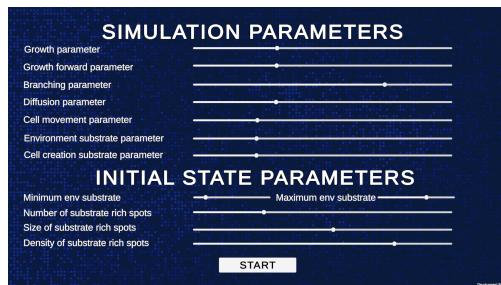
Rysunek 6.6: $t = 1$ Rysunek 6.7: $t = 5$ Rysunek 6.8: $t = 10$ Rysunek 6.9: $t = 20$ Rysunek 6.10: $t = 30$ Rysunek 6.11: $t = 40$ Rysunek 6.12: $t = 50$ Rysunek 6.13: $t = 60$ Rysunek 6.14: $t = 70$

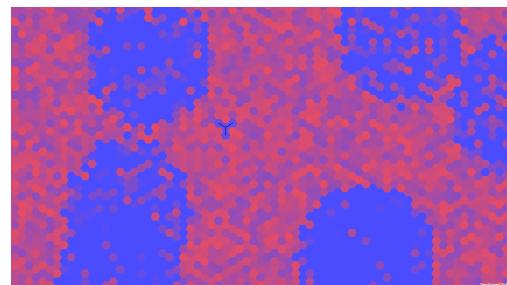
Tabela 6.2: Eksperyment 2

W tym scenariuszu zastosowano wyższy poziom składników odżywczych w tle oraz niższą wartość parametru wzrostu, co spowodowało wolniejszy rozwój sieci. Grzywnia wykazywała większą skłonność do rozgałęzień, co umożliwiło skuteczniejsze odnajdywanie i wykorzystanie składników odżywczych. Sieć była bardziej rozproszona i równomierna w porównaniu do eksperymentu pierwszego.

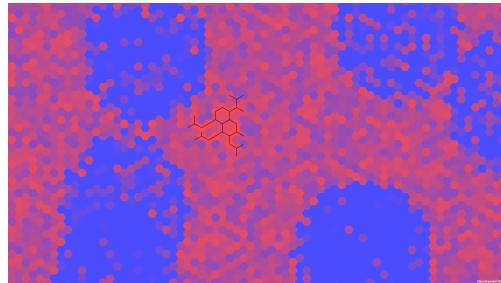
6.3 Eksperyment 3



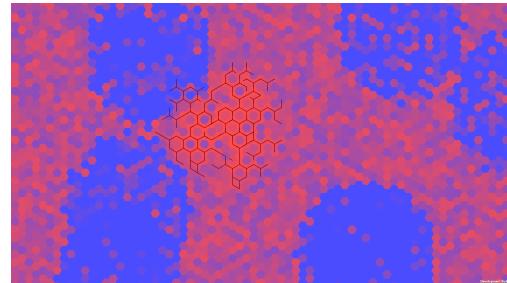
Rysunek 6.15: Parametry



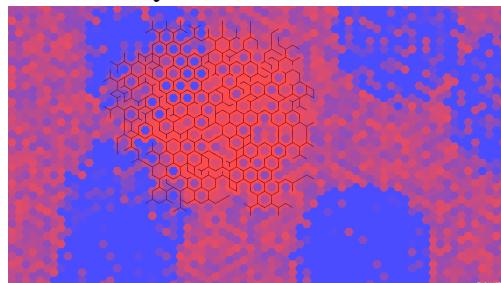
Rysunek 6.16: $t = 1$



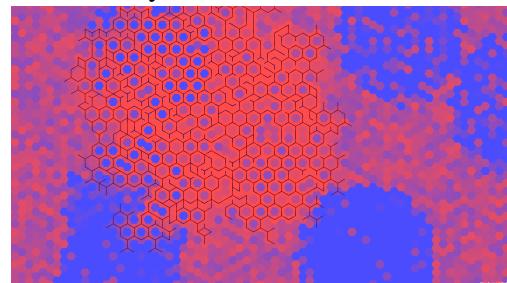
Rysunek 6.17: $t = 5$



Rysunek 6.18: $t = 15$



Rysunek 6.19: $t = 25$



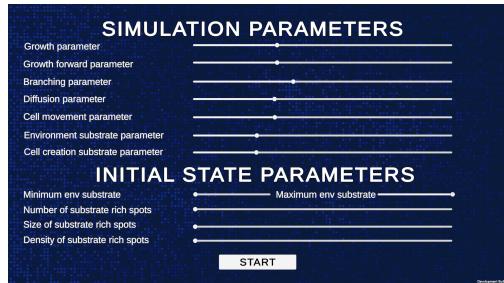
Rysunek 6.20: $t = 35$

Tabela 6.3: Eksperyment 3

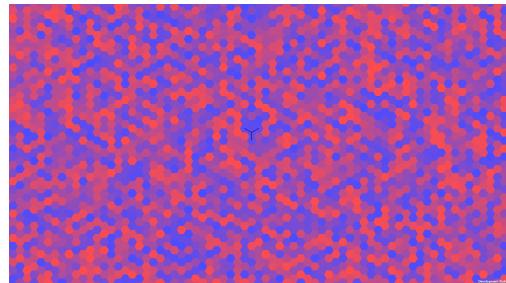
Wysoka wartość parametru rozgałęzień doprowadziła do szybkiego wzrostu sieci. Grzywnia w krótkim czasie odnajdywała bogate źródła składników odżywczych, co napędzało jeszcze szybszy rozwój. Ze względu na to, że wzrost był tak szybki nie koncentrował się w żadnym miejscu. W praktyce mogłoby to oznaczać, że grzywnia zbyt szybko zużyje

swoje zasoby przed dotarciem do skupiska pożywienia. Nie można było zaobserwować rozróżnienia na fazę eksploracyjną i eksploatacyjną.

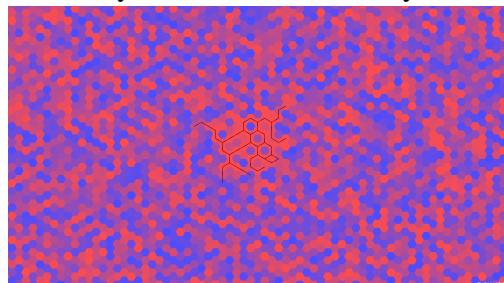
6.4 Eksperyment 4



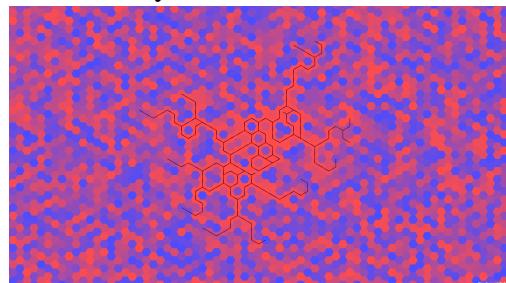
Rysunek 6.21: Parametry



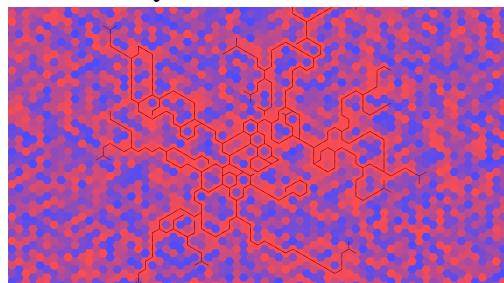
Rysunek 6.22: $t = 1$



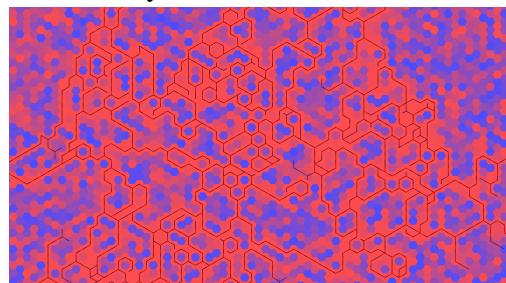
Rysunek 6.23: $t = 5$



Rysunek 6.24: $t = 15$



Rysunek 6.25: $t = 25$



Rysunek 6.26: $t = 35$

Tabela 6.4: Eksperyment 3

W tym przypadku składniki odżywcze były rozmieszczone losowo. Wzrost sieci był mało skoncentrowany, a grzybnia nie skupiała się w żadnym konkretnym miejscu. Wzrost miał charakter fraktalny, z rozgałęzieniami tworzącymi rozproszony, niemal chaotyczny wzór. Takie środowisko wymagało intensywnej eksploracji, co skutkowało niską efektywnością wykorzystania zasobów.

7. DYSKUSJA WYNIKÓW

Wyniki symulacji potwierdziły, że opracowany model grzybni z wykorzystaniem automatów komórkowych wiernie odwzorowuje kluczowe procesy biologiczne, takie jak eksploracja środowiska, eksploatacja zasobów oraz adaptacja do zmiennych warunków. Analiza poszczególnych eksperymentów pozwala wyciągnąć następujące wnioski:

1. Wpływ środowiska na wzrost sieci grzybni

Eksperymenty wykazały, że rozmieszczenie składników odżywczych w środowisku ma kluczowy wpływ na dynamikę wzrostu grzybni. W przypadku skupisk o wysokiej gęstości zasobów (eksperymenty 1 i 2), grzybnia wykazywała tendencję do koncentracji w tych obszarach, co przypomina rzeczywiste zachowanie biologiczne organizmów. Natomiast losowe rozmieszczenie zasobów (eksperyment 4) skutkowało bardziej rozproszoną i fraktałową strukturą wzrostu.

2. Znaczenie parametrów modelu

Zmiana parametrów wzrostu, takich jak skłonność do rozgałęzień i skłonność do wzrostu, znaczco wpłynęła na wyniki symulacji. Wysoka skłonność do rozgałęzień (eksperyment 3) umożliwiła szybką eksplorację środowiska, jednak nadmierny wzrost końcówek prowadził do większego zużycia zasobów bez odpowiedniego skupienia na ich eksploatacji. Z kolei zmniejszenie parametru wzrostu (eksperyment 2) sprzyjało bardziej zrównoważonemu rozwojowi sieci i skutecznieszemu wykorzystaniu zasobów.

8. PODSUMOWANIE

W tej sekcji chcielibyśmy podsumować całokształt projektu oraz osiągnięty efekt.

Tematyka projektu okazała się dla nas wyjątkowo ciekawa i już od momentu poszukiwania literatury, prace nad nim były niezwykle przyjemne. Szczerze zainteresowaliśmy się tym tematem i nawet w wolnym czasie szukaliśmy więcej informacji na jego temat. Dotyczy to zarówno samej grzybni, jak i jej modelowania. Chcielibyśmy w przyszłości rozwinać ten projekt, ponieważ wiemy, że temat jest na tyle szeroki, że nie zdołaliśmy go nawet po części wyczerpać.

Był to nasz pierwszy projekt, w którym opieraliśmy się o prace naukowe i działaliśmy w usystematyzowany sposób. Zdecydowaliśmy się na temat sieci grzybni, ponieważ wydawał nam się ciekawy i z czasem dowiedzieliśmy się, że jest bardziej złożony, niż moglibyśmy się spodziewać. Musieliśmy dowiedzieć się, jakie czasopisma naukowe są najważniejsze i najbardziej szanowane dla mykologii - czyli nauki o grzybach, jacy autorzy są w tym środowisku najbardziej znani. Bardzo pozytywnym doświadczeniem było wyjść poza tematykę informatyki, z którą mamy do czynienia na co dzień i dowiedzieć się czegoś z innej dziedziny, a następnie je połączyć.

Temat symulacji dyskretnych również nas zainteresował, właśnie ze względu na to, że pozwala łączyć ze sobą różne dziedziny nauki. Można go opisać jako praktyczne wykorzystanie matematyki oraz algorytmów dla rzeczywistych problemów.

Sam proces tworzenia aplikacji był ciekawy, jednak dość trudny, ze względu na to, że pierwszy raz korzystaliśmy z silnika Unity. Zdecydowaliśmy się na niego, ponieważ dla osoby, która jest z nim obeznana znaczco ułatwia pracę. Silnik ma wiele wbudowanych elementów, jak choćby siatki, narzędzia do tworzenia interfejsu użytkownika, możliwość wizualizacji od pierwszych etapów pracy oraz dostosowywania parametrów. W ramach projektu musieliśmy jednak nauczyć się go od zera, co stanowiło spore wyzwanie, ponieważ jest to zaawansowane narzędzie - docelowo służy do tworzenia gier 3D. W internecie można znaleźć jednak wiele poradników i ostatecznie jesteśmy zadowoleni z tego wyboru, ponieważ zyskaliśmy dzięki temu nowe umiejętności.

Jesteśmy zadowoleni z efektu, jaki udało nam się osiągnąć. Najważniejsza dla nas była

możliwość testowania wielu scenariuszy oraz łatwe ich tworzenie - przede wszystkim poprzez automatyczne generowanie siatki. Samo zachowanie się sieci działa zgodnie z oczekiwaniami, jednak widzimy elementy, które mogłyby zostać udoskonalone. Chcieliśmy pokazać wpływ składników odżywcznych na rozwój grzybni - przede wszystkim podział na fazę eksploracyjną i eksplotacyjną, co wielokrotnie podkreślaliśmy. Do pewnego stopnia udało nam się ją zaobserwować, jednak w literaturze efekt ten był często bardziej widoczny.

Widzimy w tym projekcie duże szanse na rozwój - w rzeczywistości transport składników odżywcznych nie zachodzi wyłącznie przez dyfuzję oraz ich ruch w kierunku końcówek ale też zdaje się, że cała sieć przenosi pożywienie, w kierunku tych fragmentów, które najbardziej ich potrzebują. Artykuł M. Helda [6] wskazywał również na to, że wybór kierunku wzrostu sieci nie jest losowy i jej końcówka zawiera ciało zdolne do wyczuwania otoczenia. Dodatkowo jak mogliśmy przeczytać w artykule Daniela Bebbera [5], sieć grzybni można wykorzystać do rozwiązywania rzeczywistych problemów - tworzenia najlepszych sieci transportowym. Przy wystarczająco zaawansowanym modelu, można by ten proces odwrócić i wykorzystać sam model w podobnym celu, bez potrzeby prowadzenia eksperymentów na prawdziwym organizmie, co może być czasochłonne.

Podsumowując od początku pracy nad projektem był on dla nas przyjemny i ciekawy i mimo napotkanych trudności jesteśmy z niego zadowoleni. Liczymy, że w przyszłości uda nam się go rozwinać.

Bibliografia

- [1] G. Boswell, H. Jacobs, K. Ritz, G. Gadd, and F. Davidson, “The development of fungal networks in complex environments,” *Bulletin of mathematical biology*, vol. 69, pp. 605–34, 03 2007.
- [2] D. Cohen, “Computer simulation of biological pattern generation processes,” *Nature*, vol. 216, pp. 246–248, 1967.
- [3] A. Meskauskas, M. Fricker, and D. Moore, “Simulating colonial growth of fungi with the neighbour-sensing model of hyphal growth,” *Mycological Research*, vol. 108, pp. 1241–1256, 2004.
- [4] I. Carver and G. Boswell, “A lattice-free model of translocation induced outgrowth in mycelial fungi,” *IAENG International Journal of Applied Mathematics*, vol. 38, pp. 173–179, 2008.
- [5] D. Bebber, J. Hynes, P. Darrah, L. Boddy, and M. Fricker, “Biological solutions to transport network design,” *Proceedings. Biological sciences / The Royal Society*, vol. 274, pp. 2307–15, 07 2007.
- [6] E. N. Held, Kašpar, “Intracellular mechanisms of fungal space searching in micro-environments,” *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A*, vol. 116, pp. 2307–15, 06 2019.