## 基于随机梯度下降和细胞自动机的真菌分解建模

真菌作为生态系统中的分解者发挥着重要作用。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非常重 要。

本文建立了影响真菌伸展率和分解率的因素之间的关系模型。在关系模型的基础上,我们引入元胞自动机模型来模拟多种真菌的生长和分解。

具体来说,我们首先建立扩展率模型。延伸速率被建模为与温度和湿度的阿伦尼乌斯关系。在扩展率模型的基础上,建立了分解率模型。分解速率由延伸速率和水分平衡决定,其中关系是非线性的。为了估计非线性分解速率模型中的参数,我们建立了一个适合收集的分解速率数据的优化模型。利用随机梯度下降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,不同种类的真菌数量首先显著增加

5-40 天。然后,在大约 10 天的延长后,真菌的数量减少到一定程度,然后在大约 40 天后稳定下来。122 天后分解率为 0.68。

接下来,我们通过竞争关系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来模拟真菌在相互作用下的活性。结果表明,考虑交互作用后,不同类型真菌的数量显著减少,平均减少33.65%。122天后分解率为0.39,比没有竞争的情况低42.69%。

之后,我们分析了真菌相互作用的影响。短期内,不同类型真菌之间的相互作用不明显。从长远来看,由于营养物质的短缺,影响是显著的。然后,研究了模型的灵敏度。我们表明,我们的模型对8%的温度和湿度变化很敏感。然后,分析真菌和不同环境的组合。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,生物多样性对真菌分解效率有重要影响,多物种条件下真菌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,细胞自动机

# 内容

1	Inti	roduction	2
	1.1	Background	
		Problem	
	1 9	of Problem	2
	1. 4	Restatement	
		Restatement	2
	1. 3	Review	_
		Literature	
			3
	1.4	Work	Ouı
			•
		• • • •	3
2	Assı	umptions and Notations	4
		Assumptions	
			4
	2.2	Notations	
			5
2	Wada	ala and Dagulta	_
3		els and Results	5
	3.1	Decomposition Rate Model and Parameters Estimation	 5
		3.1.1 Decomposition Rate Based on Extension Rate and Moisture Trace	-
		off .	6
		3.1.2 Extension Rate Based on Temperature and Humidity	
			7
		3.1.3 Moisture Trade-off Based on Lower Limit of Humidity	
			7
		3.1.4 Fungal Decomposition Rate Model	•
		245 D	8
		3.1.5 Parameters Estimation Using SGD	
	3.2	Cellular Automata Model for Breakdown Process	8
	٥,۷	3.2.1 Relation Between Cellular and Fungal Extension	
		3.2.2 Relation Between Cellular and Fungal Decomposition	
		3.2.3 Cellular Automata Model	
		3.2.4 Model Solution.	
	3.3	Cellular Automata Model Under Interactions Among Fungi	
	3,3	3.3.1 Model Establishment	
		3.3.2 Model Solution	
	3.4	Analysis and Experimental Results	
		3.4.1 Overall Analysis	
		3.4.2 Interactions Among Different fungi	
		3.4.3 Sensitive Analysis of Environment	
		3.4.4 Simulations Under Different Combinations and Regions	
	3.5	Influence of Species Diversity	
4		engths and Weaknesses	20
	11	\trongths	20

	4.2	Weaknesses	20
5	Arti	cle	21
Re	feren	ices	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的过程: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,是森林凋落物的分解过程。

森林凋落物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。森林凋落物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,真菌还能分解含氮的蛋白质化合物,对一些难降解物质(如木质素)有很强的分解能力。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移养分的能力,这一特性使它们能够在异质环境中建立广泛的菌丝网络,并利用在养分质量上可能存在显著差异的空间分离的养分资源[4]。

菌丝是真菌的分支细胞,构成真菌的细丝和结构。不同种类的菌丝在真菌的生命周期中起着不同的作用。菌丝的伸长本质上是真菌的生长速度[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速度。基于以上认识,我们需要解决以下问题:

- 需要在多种真菌存在的情况下建立真菌分解枯枝落叶和木质纤维的数学模型。
- 在模型中,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度和不同的耐湿性。
- 分析模型并描述不同类型真菌之间的相互作用。动态特征和相互作用的描述应包括短期和长期趋势。模型分析需要考虑对环境快速波动的敏感性。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。
- 预测每个物种和可能的持久性物种组合的相对优势和劣势,以及它们在不同环境中的状态,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,以讨论我们对真菌在生态系统中的作用的理解的最新进展。

### 1.3 文献评论

真菌最明显的身份是分解者。根据 Chen M R [6],凋落物分解一般包括三个阶段:浸出阶段、破碎阶段和有机质分解代谢阶段。其中,淋洗阶段是指凋落物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、沉淀和其他因素都可以不同程度地粉碎树木残渣[6,7]。代谢是指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。俞淑玲

[8]提出真菌,特别是丝状真菌在凋落物分解中起重要作用。芬德利等[1]指出,真菌的菌丝可以渗透到植物残体中,分泌胞外酶降解凋落物中含有的难降解物质(如木质素),从而软化植物残体,改变凋落物的结构和化学组成,有利于细菌等微生物的进一步定殖和土壤动物的摄食[9,10]。

凋落物的完全分解是在各种凋落物分解酶的作用下完成的[11]。Dick [12]表明凋落物分解酶的活性与微生物生物量呈显著正相关。张瑞卿等[13]测定了热带雨林凋落物分解过程中与碳循环有关的多种酶,指出与碳循环有关的酶可作为有机质分解的重要指标。

王等[14]声称凋落物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,温度将开始降低,分解速率将显著降低。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凋落物分解的主要气候因素。各气候区凋落物分解速率为热带>亚热带>温带>寒温带[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,凋落物分解速率较快,森林地表有机质积累速率较慢。相反,受低温限制,高纬度高海拔地区微生物活性普遍较低,凋落物分解速率较慢,森林地表有机质积累量较大[1,16,17]。

## 1.4 我们的工作

在这篇文章中,我们首先研究了真菌延伸率、水分平衡和分解率之间的关系。根据 [5],扩散速率和分解速率之间的关系确定为 1/2 阶。此外,水分权衡和对数分解率之间的关系是线性的。然后我们把这三个因素统一成一个非线性方程。建立了多元非线性优化模型,并用 SGD 进行求解。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,我们引入元胞自动机来模拟真菌的生长和分解。我们在元胞自动机中引入三个定义来量化分解率和扩展率。同时,我们考虑不同种类真菌之间的相互作用和不同环境的影响。进行了大量的模拟实验来测试

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).
- 确定待定系数关系的非线性优化模型(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二节。 3.2 (第一个问题), Sec。3.3 (第二个问题), Sec。3.4 (第三和第四个问题)和 Sec。3.5 (第五个问题)。

## 2 假设和符号

#### 2.1 假设

通过对问题的充分分析,为了简化我们的模型,我们做出以下合理的假设。

假设1假设森林土壤肥力、树种和林龄对凋落物分解的影响可以忽略不计。

对真菌分解的影响和作用主要限于环境和自身特性[10]。

假设 2 忽略森林害虫和动物活动等外部因素对森林凋落物基质质量和分解速率的影响。

假设3没有考虑光照强度对真菌分解的影响。

光的强度会导致叶片结构和物质组成的差异[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,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速度。

微生物的理论最大生长率基于理想条件[5,20]。因此,真菌不可能超过理论最大生长速度。

假设7实际上,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,延伸率越高。

真菌生长的湿度有下限[21]。然而,据我们所知,没有上限。因此,做出这个假设是合理的。

### 2.2 记号

表中列出了本文中使用的主要符号1.此外,包含元素的集合表示为{}。不同类型 的真菌用下标来区分,如 Fi、VEi。一般来说,大写字母相同但下标不同的符号代表性 质相似的变量,例如 VE 和 VD 都代表比率,而 VE 代表 延伸率,VD表示分解率。

表1:符号

#### 符号定义

温度(单位为摄氏度)

*达峰时间* 一种真菌最适宜的温度

house of lords 上院 一种真菌的湿度下限

优化模型中的待定参数(3.3)地面真实数据和预测数据的平方损失

扩展率(根据[5],范围为[0,10]) 理论最大延伸率

性病 分解率(范围为[0, 1])

水分权衡(范围为[1,1][5])

湿度(范围为[0, 1])

g 元胞自动机中的映射( $\in$  N500 $\times$ 500)

*船方不负担装货费用* 包含多个细胞的集合,代表一种真菌(⊂ N2)

被一种真菌感染的细胞数(Ni = |Fi|)

定义中定义的扩展概率1

定义中定义的竞争扩展概率3

定义中定义的分解时间2

#### 模型和结果 3

本节描述了我们工作的主要模型和结果。具体来说, Sec。3.1 建立了扩展率、水 分平衡和分解率之间的关系,其中利用 SGD 算法确定模型参数。秘书 3.2 建立了描述 真菌生长和分解过程的元胞自动机模型。以秒为单位。3.3、我们加入了不同真菌的相 互作用,重新构建了细胞自动机模型。以秒为单位。3.4、我们从不同因素之间的联系 以及对环境变化的敏感性的角度来分析所提出的模型。最后在第二节。3.5,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 该能够有利于分解这些元素。根据常见真菌类型的信息[5,26],我们收集了6种真 菌,如表中所列2.

#### 分解率模型及参数估计 3.1

本节建立了真菌分解速率模型,该模型通过两个方面来考虑:延伸速率和水分平 衡。我们的模型是一个通用框架,可以应用于所有类型的真菌。具体来说,我们首先 定性地建立分解率和延伸率与水分平衡之间的关系。然后, 我们建立

表 2: 所选真菌的类型及相应参数	(部分参数选白[5]附录)。
- AX - A - I / I - J - J - J - J - J - J - J - J - J -	

真菌类型	Tmax VEmax H1 M
大霉菌 青霉菌 锈菌 赤霉菌 赤霉菌	28 摄氏度 8. 23±80% 0. 60 18 摄氏度 6. 46±90% 0. 80 32 摄氏度 5. 17 度 92% 0. 84 度 25 摄氏度 1. 56±80% 0. 60 27 摄氏度 7. 26 度 90% 0. 80 度 28 摄氏度 4. 68±70% 0. 40

延伸速率与湿度和温度的关系。对于模型中的不确定参数,我们利用相关文献[5]中的 数据,通过 SGD 确定这些参数,最终可以确定分解率模型。

#### 3.1.1 基于延伸率和水分权衡的分解率

分解率定义为木材在122天内的质量损失[5],它与延伸率和水分平衡有很大关 系。对于延伸率,我们可以观察到分解率随着延伸率的增加而增加。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 变量函数可以表示为

$$V_D = T \times V_2 1 + V_{D_0} 1$$
, (1)

 $V_D = T \times V_2 1 + V_2 1 + V_2 1 + V_3 1, \quad (1)$ 其中 VD 表示分解速率,T 表示温度,VE 表示延伸 速率, V 1,是一个常数, 它是待定的。

水分权衡 M 被定义为每个分离物的竞争等级与其水分生态位宽度的差异[5]。据 信,水分权衡较大的真菌可能具有较高的分解速率[5]。事实上,在水分平衡和 logVD 之间可以找到线性相关性,即,

$$logVD = \alpha \times M_{DO} + V 2, (2)$$

其中 α 是线性系数, V 2

<sub>DO</sub> 是一个常数。在两者上取指数函数

边,设  $\lambda = 10VD0$ ,  $a = 10\alpha$ ,我们有

$$VD = \lambda aM_o$$
 (3)

这里, λ, a成为模型的两个待定参数。

注意到(1) 和(3) 是两个独立的函数,分别考虑了延伸速率和水分平衡的影响。事 实上,这两个因素始终以同步的方式影响分解速率。因此,期望将这两个因素统一到 一个单一的模型中, 该模型得出

其中K是一个待定常数。

在真菌分解速率模型中(4), 自变量是扩展率 VE 和湿度的权衡对于 M, 特定种类的湿度的下限 真菌可以用来测定 M [21]。然而,对于 VE 来说,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、湿度和扩展速率 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。由于分解位置主要取决于酶的功能,分解酶的活性极大地影响分解效率,从而影响真菌的生长速度[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],温升可以用阿伦尼乌斯图线性化。阿伦尼乌斯图的斜率给出了决定 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 Tmax 来表示导致失活的温度。超过这个温度,随着温度的升高,延伸速度会下降。

基于上述分析,我们将真菌相对于温度 T 和湿度 H 的扩展速率表示为如下阿伦尼乌斯图 [23]:

$$\frac{\frac{\mathbb{R} \times \mathbb{H}}{\mathbb{C} \times \mathbb{H}}}{-e^{\frac{\mathbb{C} \times \mathbb{H}}{\mathbb{C} \times \mathbb{H}}}} \quad 0 \leq T \leq T$$

$$\{ \mid E \qquad \frac{\underline{G} \times \mathbb{H}}{\mathbb{C} \times \mathbb{H}} \qquad \qquad \overline{\mathbb{C}} \times \mathbb{H} \times \mathbb{H$$

其中 VEmax 表示理论最大扩展速率 (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速度)。对于不同种类的真菌, VEmax 和 Tmax 是不同的。它们取决于真菌的本质特征。

为了说明上述模型的合理性(5), 我们在图中显示了 VE 相对于不同的 T 和 H 的值 1. 我们可以看到, 当真菌的最大延伸速率 V E m a x 较大时,真菌对环境(温度和湿度)的变化较为敏感。例如,图中的黄线 1 表示的最大扩展速率为

10. 当温度或湿度变化较大时,这些真菌的伸展率甚至低于最大伸展率为 2.5 的真菌,用蓝线表示。也就是说,延伸率较高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

对于水分权衡 M(其范围为[1,1][5]),我们直接用湿度的下限数据来诱导 M,具体来说,根据[21],一种真菌的湿度 H1 下限是确定的(范围为[0,1])。此外,该极限越低,真菌物种的水分平衡越高,如假设中所述 7. 因此,我们直接公式化与 H1 线性相关的 M,即,

$$m = 2H1 + 1$$
. (6)

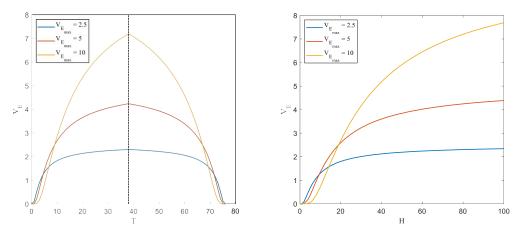


图 1:扩展速率模型的测试(5). 左:固定 H = 0.8 时 VE 相对于不同温度 T 的值。右图:固定 T = 38 时 VE 相对于不同湿度 H 的值。最佳温度 T max 设置为 T 38。

#### 3.1.4 真菌分解速率模型

基于以上分析, 真菌分解速率的最终模型是

#### 3.1.5 基于高斯分布的参数估计

为了建立延伸率、水分交易量和分解率之间的确定关系,我们需要估计模型中的待定参数 λ, a, K(7). 具体来说,这些参数应该根据数据来确定。我们的数据来自 l5 的附录。方程式 (4) 是一个多参数待定的非线性方程。因此,期望通过最小化手头分解速率数据和预测分解速率之间的误差来确定这些参数,这可以描述为以下优化模型:

$$\begin{cases}
\begin{pmatrix}
\lambda \\
K \\
M \\
M \\
M
\end{pmatrix}
\end{cases} = \underset{\text{arg}}{\text{arg}}, \underset{\text{b}}{\bigvee_{1}} \bigvee_{D} \bigvee_{0} \downarrow_{D} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, X, A\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, A\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, A\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, A\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, A, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, A, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, A, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{X, B, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

$$\frac{\{\lambda, a, b\}}{\{\lambda, a, b\}} = \underset{1 + K_{c}}{\underbrace{\{\lambda, a, b\}}} \downarrow_{0}$$

这里, 
$$\frac{i}{\text{Modata}}$$
  $\frac{i}{\text{Modata}}$   $\frac{-i}{\text{Modata}}$  是从[5]获得的数据集。以上优化  $\frac{b}{\text{Modata}}$  ,  $\frac{b}{\text{$ 

模型旨在最小化地面真实数据 VDdata 和预测数据的平方误差 使用视频显示器(4).

很难找到模型的封闭解(8)。因此,有必要使用它的操作方法。在求解无约束优化问题时,迭代梯度下降法是最常用的方法之一。由于有多个数据,我们引入了SGD

算法[24],在多数据下高效,处理模型(8).具体来说,我们通过更新  $\theta = \{\lambda, a, K\}$ 

$$= -r \nabla \theta \cdot 1 . (9)$$

 $\theta t+1$ 

其中 $L = (V I_D V i_{\beta N}) 2$  是能量函数,r 是更新率[24],t = 1, 2, 1 表示迭代步骤。具体来说,我们有以下更新规则:

λ-更新:

$$\lambda t + 1 = \lambda t r \partial 1 = \lambda t 2r (VI VI \\ 0 \lambda D$$

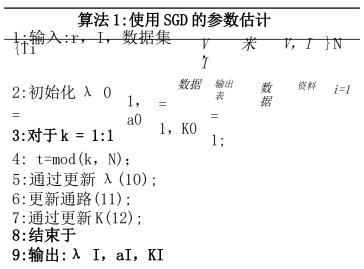
a-更新:

k-更新:

$$kt+1 = kt-r \ \partial 1 = kt-2r(VI-VI)$$
. (12)  
 $\partial K$  D Ddata

表中描述了优化过程3.

表 3: 建议模型的解决方案(8).



关于迭代的损失值(L)和  $\lambda$  如图 2 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,  $\lambda$  稳定收敛到 31.9。虽然我们用的是 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, 我们有  $\lambda = 31.90$ , a = 1.26, K = 64.80, 由此推论

$$VD = T \times v2 + 31.90 \times 1.2664.80$$
 (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:

$$V = T \times V$$
  $\stackrel{\frown}{=} 2+31.90 \times 1.26664.80$   
| 有  
 $V = T \times V$   $\stackrel{\frown}{=} 2+31.90 \times 1.26664.80$   
 $V = T \times V$   $\stackrel{\frown}{=} 2+31.90 \times 1.26664.80$   
 $V = T \times V$   $\stackrel{\frown}{=} 2+31.90 \times 1.26664.80$ 

$$e^{-Vemax} T$$
  
 $E = Emax$   $(2Tmax T) \times H$ , 最大 最大

Toom # Dogs 11 of

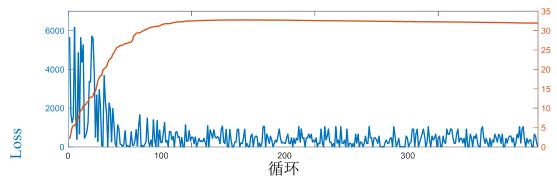


图 2:相对于使用表中算法的迭代,损失值(L)和 \(\lambda\) 3.

具体来说,给定温度 T 和湿度 H,我们可以用不同的 VEmax、Tmax 计算不同种类真菌的延伸速率 VE。接下来,通过结合延伸速率 VE 和水分平衡 M(由不同真菌对水的耐受性决定)来计算分解速率 VD。该模型为我们的元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

第一个问题是模拟真菌的分解过程。在实践中,由于各种条件的影响,真菌的分解 速率不是恒定的,因此分解时间是动态的。为了更好地模拟分解过程,我们建议用元 胞自动机来解决这个问题。

具体来说,代表真菌的集合(包含多个细胞)用Fi表示

 $n^2$  整个地图网格(代表木质纤维)为 G N500×500。在开始阶段,每个网格都设置为 1,即 G(p,q)=1,s,t。然后,对于每个网格,都有被真菌 Fi 感染的初始可能性 (如果(p,q)被 Fi 感染,那么我们更新 G(p,q)=i+1)。初始化后,Fi 开始扩展到其他网格。一旦 Fi 扩展到新的网格,它

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。

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

#### 3.2.1 细胞和真菌延伸的关系

对于真菌的延伸过程,我们用元胞自动机中相邻细胞的感染作为生长的模拟。自然,这个过程由扩展速率 VE 参数化。然而,由于模拟过程是一个离散的过程,我们不能直接在元胞自动机中使用 VE。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过程。对于真菌来说,它也是一种生物,所以它的一些行为和特征可以用 sigmoid 函数来模拟。给定扩展率 VE,我们建议用 sigmoid 函数将 VE 转化为一个可控的概率因子。真菌的概率(通过延伸速率 VE 确定)用于确定真菌细胞 Fi 是否能够延伸

进入相邻的格子。具体来说, 我们归纳出以下定义。

定义1(扩展概率)给定具有扩展速率 VEi 的真菌细胞 Fi, Fi 的扩展概率定义为

$$-$$
、五、 $\stackrel{\overrightarrow{PE}}{=} sigmoid() =$ 。 (15)  $-1$   $1 + e$  火山爆发指数

该概率用于确定真菌细胞的生长程度。具体而言,对于每个未感染的细胞,如果它与感染的真菌 Fi 相邻,那么网格可能被概率 PEi 感染,概率 PeI 由延伸速率 VE 决定。当延伸率增加时,PEi 增加(上限为1)。然后细胞感染的概率增加,这从另一方面描述了真菌延伸的速度。因此,定义的有效性1 是正当的。

基于以上分析,对于未被感染的每个网格(p, q),我们在时间 t 内执行以下操作:

其中  $\xi \infty U(0, 1)$ 。以上公式是真菌的生长模拟过程。注意到有网格  $\{pt, qt\}$  被真菌 Fi 完全分解,因此我们做到了

$$F_{\overline{k}}+1 = \overline{\#t}+1 \setminus \{p(p_{\overline{k}}, q_{\overline{t}})\}. \tag{17}$$

对于真菌总数 Ni (被 Fi 感染的网格数),我们有 Ni = Fi,其中表示集合中元素的数 || 量。对于感染细胞数量的变化

对于真菌,我们有以下不同的形式:

$$\frac{dNi = (Nt+1 Nt)Nt}{\cancel{\xi}} \qquad \qquad \cancel{x} \qquad \cancel{x} \qquad \cancel{x} \qquad \cancel{x}, \quad (18)$$

Nt 在哪里 表示在时间 t 完全被真菌 f1 分解的细胞数量等式(18<sup>数</sup> 因为我们可以用它来观察模拟过程中真菌数量的变化。

#### 3.2.2 细胞与真菌分解的关系

与扩展率类似,分解率不能直接用于元胞自动机模型。因此,有必要将预先计算的分解速率转换成真菌的分解时间,以完全分解被感染的细胞。自然,当分解率高时,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)分解率为VDi的真菌Fi的分解时间定义为

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 ^ 106。给定分解对间 TDi,我们可以模拟真菌在细胞中的分解过程。因此,根据等式。(17),分解时间是影响元胞自动机模型的一个因素。

#### 3.2.3 细胞自动机模型

基于上述分析,让 n 表示真菌种类的数量,所提出的模拟分解过程的细胞自动机模型被表述为:

$$F_{\mathcal{R}}+1 = (\mathbf{R} \times \{(p, q)\}) \wedge D \qquad \mathcal{R}$$

$$|\text{Ft+1}\mathcal{R} \text{ Ft}\setminus\{\{\{\}\}\}, \ \{\}\} \rangle D \qquad \mathcal{R}$$

$$\text{PE } \xi \sim U(0, 1), \ i = 1, \ , n$$

$$P^{Ei} = sigmoid(1) = \frac{\mathcal{K}}{1 + e \text{ VEi}}$$

$$\frac{\mathcal{K}}{\mathcal{R}}$$

$$\frac{1^2 2^2 \mathcal{K}}{\mathcal{R}}$$

$$\frac{\mathcal{K}}{\mathcal{K}}$$

#### 3.2.4 模型解决方案

模型(20) 是一个基于细胞自动机的模拟框架。因此,可以通过时间迭代模拟分解过程来获得解。仿真过程的算法如表所示 4. 请注意,在模拟过程中,我们考虑了提供未感染细胞的落叶(我们改变了完全分解的细胞

进入未感染的细胞,即 G(p, q) = 1 模拟落叶)。在本节中,我们选择了 3 种真菌进行实验,即木霉属、青霉属和曲霉属(参见

表中的详细信息 2). 同样,我们为问题 1、2 和 3 选择了热带雨林中的环境(不同地区的详细情况见表 5). 模拟结果如图 2 所示 3.

从图 1 的左图 3,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 2 的中间图来看 3,我们可以看到,在大约 5-10 天的初始阶段,真菌以近似指数的速度感染木质纤维。然而,10 天后,真菌的数量开始下降。这是因为木材的营养成分(即细胞图谱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了营养物质的快速消耗。因此,真菌的生长环境变得更差,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 × 104.122 天后分解率为 0.68。

从图 2 的右图来看 3, 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]。因为刚开始营养充足, 生长速度快。之后养分减少, 大部分木材被分解, 同时有落叶提供额外的养分(不足以让真菌进一步延伸), 所以真菌数量的变化率趋于 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,我们主要考虑延伸率的变化,其中生物之间的相互作用主要来自生长的角度[25]。具体而言,我们应该考虑以下因素之间是否存在互利和相互排斥的影响

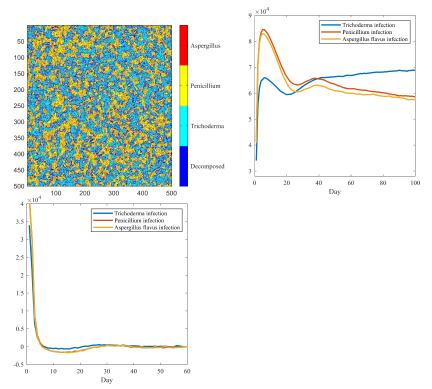


图 3: 问题 1 的模拟结果。左图: 木质纤维被不同种类的真菌感染并被真菌分解的示意图。中间: 不同真菌的数量与时间的关系。右图: 不同真菌 dNi 数量随时间的差异。

表 4:模型对应的算法(20).

```
算法1:真菌延伸和分解模拟过程
1:输入:G \in N500 \times 500, tmax, \{Tmaxi\}, \{VEmax\}, \{Mi\}
2:初始化 Fi ∈ N2, i =
1, , n; 3:对于 t = 1 : tmax
4: for (p, q) = (1, 1) : (500, 500)
      查找相邻点{(pj, q j)}; 6:
如果 G(pj, q j) /= 1
7:通过 PEi 计算(15);
7:通过计算 TDi (19);
7:通过更新无线网络(16) 和(17);
7: G(pj, q j) = I+1; 6:
结束 if
6:结束于
       Ft |; 通过 dNi 计算(18);
8:结束于
          {Ni} {dNi }
震颤性精神錯乱 (Delirium Tremens 的缩写)
9:输出:
```

真菌。这种影响应该量化为对扩展速率的影响。然后,利用元胞自动机重新模拟了真 菌在内在相互作用下的活性。

#### 3.3.1 模型建立

在模拟不同种类真菌之间的关系时,我们应该考虑两个方面: 互利和互斥。然而,据我们所知,互利只存在于真菌和其他生物之间[27,28]。因此,我们在考虑真菌之间的关系时,主要考虑的是竞争关系。也就是说,在不同真菌的相互作用下,延伸速率 VE 会降低。根据我们之前的工作(定义1),扩展概率会改变。我们归纳了以下真菌相互作用下延伸概率的定义。

定义 3(竞争延伸概率) 给定延伸率为 VEi 的真菌细胞 Fi 和数量为 $\{Nj\}$ 的竞争真菌 $\{Fj\}$ ,Fi 的竞争延伸概率

Page 16 of

被定义为

$$PC = sigmoid() = (21) = V \times (1 \sum j \mid Nj \mid) = (-1 \sum \mid N \mid V \mid 1 + e^{-1 \sum \mid N \mid} (1 +$$

显然,由于百分比因素(1),PCi 低于 PEi。这个因素—  $\Sigma$  j Nj  $\Delta$  500 认为竞争真菌对真菌 Fi 的影响程度与总数  $\Delta$  j Nj 有关。当竞争真菌的数量较大时,影响相当大。这与[27]中的分析一致。因此,定义的有效性 3 是正当的。

基于以上分析,可以通过重写模型来建立真菌相互作用的元胞自动机模型(20)如同

#### 3.3.2 模型解决方案

求解模型的算法(22) 与模型相似(20). 因此,该算法也可以描述为表 4. 唯一的区别是概率的计算。在表格中 4, 概率是通过下式计算的(15). 这里, 概率通过下式计算(21).

结果如图 2 所示 4. 根据图 2 的左图 4, 木材的感染和分解是整体的和随机的。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 4.5 104,具体而言,比没有真菌竞争的情况低 33.65%。根据图 2 的中间图 4,与第一个问题的结果类似,真菌的数量先增加后减少。根据图 2 的右图 4,真菌数量的变化率起初很大,然后趋于 0。122 天后分解率为 0.39,比没有真菌竞争的情况低 42.69%。

与第一个问题不同,我们在这一部分考虑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。具体来说,根据图 2 的中间图 4,虽然真菌的整体生长趋势是先增加后减少,但与第一个问题的结果相比,真菌的整体数量明显减少。这是因为我们考虑了真菌之间的竞争。基于定义 3,真菌不太可能感染木材。因此,真菌的一般数量已经明显减少。

## 3.4 分析和实验结果

我们回答这一部分的第三和第四个问题。首先,我们对以前的模型进行全面分析。 然后,我们分析了不同的竞争关系 Toom # Dogo 17 of

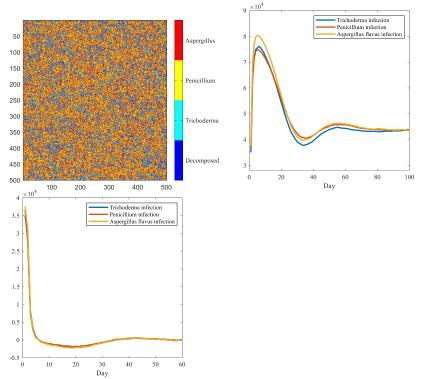


图 4: 问题 2 的模拟结果(不同种类真菌相互作用下的真菌分解和生长模拟)。左图: 木质纤维被不同种类的真菌感染并被真菌分解的示意图。中间: 不同真菌的数量与时间的关系。右图: 不同真菌 dNi 数量随时间的差异。

物种。然后,我们分析环境变化的敏感性(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,并分析了不同真菌种类在不同环境中的优缺点。

#### 3.4.1 全面分析

我们建立的模型是内在联系的。这种联系由各种参数量化。具体的连接可以描述为图 5. 从真菌类型入手,确定该类型真菌的湿度下限和最大延伸速率。然后,计算延伸率和水分平衡。使用模型(7) 和(8),确定分解速率。接下来,我们归纳了三个定义,分别考虑了扩展概率、分解时间和竞争扩展概率。最后,细胞自动机模型(20) 和(22) 都是根据这些因素建立的。

基于以上分析,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。我们根据水分权衡和延伸率来制定分解率,这是受到[5]的启发。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

在模型中(22),我们把不同类型真菌之间的内部相互作用概括为不同类型真菌之间的竞争。我们提出了一个定义(定义3).这个定义主要根据扩散率来考虑另一个物种对一种真菌的影响。百分比因子用于降低原始扩展速率。这种竞争关系是相对的,所以会影响整个分解成长的过程。

从短期来看,根据图3 和图4,真菌竞争的额外考虑没有太大影响。这是因为在初始阶段,木材的剩余量,也就是养分,是足够的。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,短期来看,竞争的影响并不明显。

Toom # Dogs 10 of

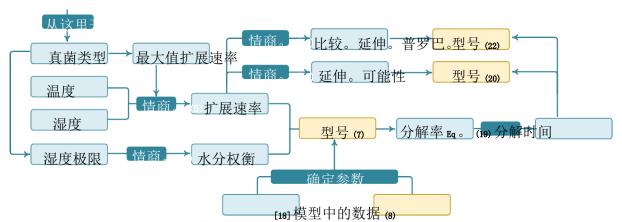


图 5:本文不同参数和模型关系的整体分析。

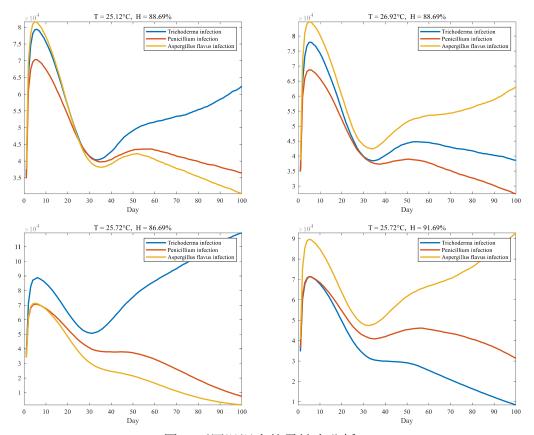


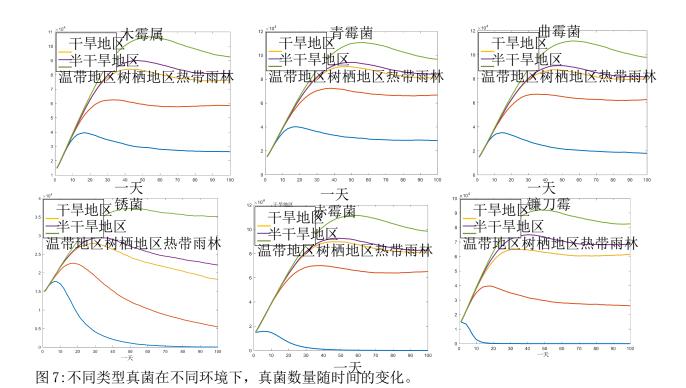
图 6:不同温湿度的灵敏度分析。

然而,从长远来看,考虑真菌竞争的影响是巨大的。从图 2 的中间图来看 3 和 4,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 Ni 数的强度远高于 Fig。 4. 考虑相互作用后,一般数 Ni 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。在这样的条件下,真菌之间的竞争使得它们的生长极其缓慢。因此,它们的量 Ni 非常低。

#### 3.4.3 环境敏感性分析

为了证明我们的模型有很好的内在联系,特别是能对环境变化做出很好的反应,我们对环境变化(温度和湿度)进行了敏感性分析。具体来说,我们使用三种真菌类型,即木霉菌,

Toom # Dogs 10 of



青霉菌、曲霉模拟不同环境下温度和湿度略有不同的分解过程。灵敏度分析的结果如图 2 所示 6.

在图 1 中 6,我们可以观察到,所提出的模型对环境中相当大的变化很敏感。具体来说,8%的温度变化会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和扩展速率的联系以及竞争的相互作用。此外,不同种类的真菌具有不同的 Tmax 和 H1,这导致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较大的影响。如果当地大气发生异常变化,温度或湿度会发生较大变化,可能偏离真菌的最佳温度或湿度限值,从而降低真菌的生长和木质纤维的分解效率。具体来说,对于当地的热带雨林地区,如果未来温度降低或升高(偏离真菌的最佳温度),真菌的延伸和分解速度将会降低。湿度方面,秋冬季湿度下降,变得相对干燥,真菌的活性会受到很大限制。

#### 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模拟,即干旱地区、半干旱地区、高温地区和热带雨林地区。具体温度和湿度数据如表所示5(参考自https://GIS.ncdc.NOAA.gov/maps/ncei/summarys/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,我们在中模拟每个选定的真菌种类(它们有不同的模型参数)

Toom # Dogs 20 of

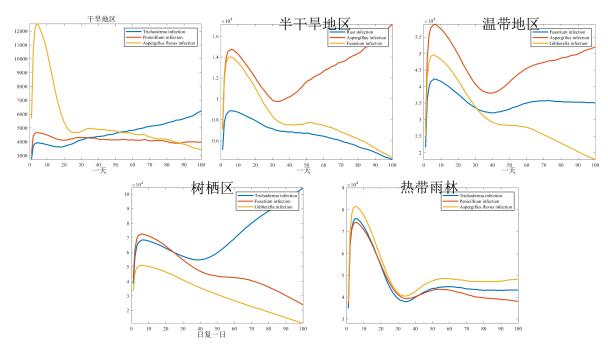


图 8: 不同真菌竞争组合下不同环境下真菌数量与时间的关系。

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

区域	T	H	经度	纬度
干旱地区	20.4摄	0.16	87. 7 우 E	40.6牛
	氏度			
半干旱地区	22. 12	0.39	118.8♀E	42.3 牛
\H 414 13 F≓	摄氏度			
温带地区	27.63	0.56	102. 2 우 W	39.2牛
تحالط لحا	摄氏度	0.00	00 0 0 111	00 0 4
树栖区	26. 07 우	0.69	82.2우W	29.2牛
	C			
热带雨林	28.72	0.88	61.2♀W	5.8♀S
	摄氏度			

五种不同的环境。结果如图 2 所示 7. 我们可以看到,每一种真菌在不同环境中的生长情况是相似的,但它们的数量 Ni 并不一致,这是由于它们的最大延伸速率 VEmax 并不相同。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,温度也比较适宜。在这种条件下,所有类型的真菌都可以有利地生长和分解木质纤维。然而,一些类型的真菌很难在干旱的环境中生长。特别是对于锈菌、赤霉菌和镰刀菌,在干旱地区数量减少到 0,这反映了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)在不同区域的生长和分解过程。结果如图 2 所示 8. 模拟结果表明,在干旱地区,研究的菌种为木霉属、曲霉属和青霉属,其中优势菌种为木霉属,劣势菌种为曲霉属。在半干旱地区,研究的物种有锈菌、曲霉菌和镰刀菌,其中优势种为曲霉菌,劣势种为锈菌。在温带,镰刀菌、曲霉和赤霉菌是研究的物种,其中曲霉是优势种,赤霉菌是劣势种。在树栖地区,研究的物种有木霉菌、丝孢菌和赤霉菌,其中优势种是木霉菌,劣势种是赤霉菌。在热带雨林地区,研究的物种有三种

Toom # Dogs 21 of

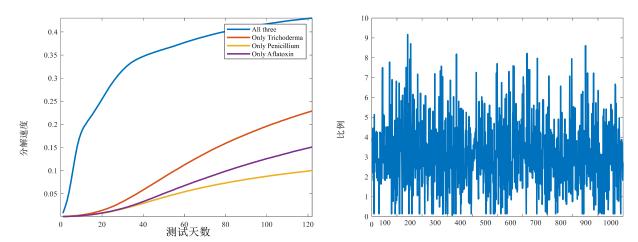


图 9: 左图: 在不同真菌种类组合下,分解速率随时间的变化。右图: "三者"的分解率和单个真菌种类的分解率之间的比例与测试次数有关。

choderma、青霉和曲霉,其中优势种是曲霉,劣势种是青霉。在这些模拟结果中,分解率是不同的,例如,122 天后热带雨林地区真菌的分解率为 68. 29%。这里,我们不详细说明由于页面限制导致的所有分解率。

值得注意的是,不同真菌组合在五种环境中的生长过程有很大不同。这是由于两个原因。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,不同的真菌组合有不同的最佳温度和水分权衡,这也改变了生长过程。具体来说,我们可以发现在两个方面

木霉获得最高的 Ni 值。这是由于木霉的 VEmax 值较高 (VEmax = 8.23),最适温度 Tmax (Tmax =  $28 \, \text{PC}$ )的值也在地球最常见温度附近。因此,木霉可以获得相对于其他木霉的优势

竞争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来模拟分解过程。结果如图 2 所示 9. 这里,我们在左图中绘制了分解率相对于时间的曲线。然后,我们重新进行 1000 次实验,并计算"所有三种"的分解速率与单一物种的分解速率之间的比例,其中相对于实验次数的比例如图 2 的右图所示 9.

从图 1 的左图 9,我们可以清楚地观察到,当这三个真菌物种结合在一起(即生物多样性增加)时,分解速度远高于单一物种。同样在图 2 的右图中 9,我们可以发现,在大多数时候,"三者"组合的分解速率要比单一种真菌的分解速率大得多。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。这基本上是因为多种物种不仅带来了真菌的高数量,而且增加了多种物种的鲁棒性,即如果环境(温度和湿度)不适应其中一种真菌物种,可能会有另一种真菌物种适应这种环境。因此,可以保证生物多样性下的分解速率。也就是说,生物多样性对生态系统中真菌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 来模拟延伸率、水分平衡和分解率之间的关系。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。随后引入三个定义来指导模拟过程。在多种真菌和不同环境下的大量实验有力地证明了所提出模型的有效性和鲁棒性。该模型的优点如下。

#### 4.1 强项

- 健壮的关系描述我们的关系模型(7) 是非线性的,能够稳健地描述延伸率、水分平衡和分解率之间的关系。同时,根据文献对模型参数进行自适应拟合 [5]数据,这是准确的。
- 高效算法我们使用 SGD 算法来处理非凸和非线性优化问题 (8). 根据 SGD [24]的良好推广性质, 迭代过程可以很好地收敛到某些临界点。
- 精确模拟我们采用离散元胞自动机自适应精确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解决,这在计算上是高效的,并且与真实情况具有高度一致性。
- 内在联系三个定义(定义1,2,和3) 分别介绍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,所有因素的影响在细胞自动机中同时联系和反映,这导致真菌活性的精确建模。
- 高灵活性和可移植性我们的模型有多个参数,如 VEmax、M、T等,这些参数代表了真菌的本质特征和环境参数。因此,我们的模型相当灵活,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,我们的模型很容易在不同的条件下应用。

然而,所提出的模型存在一些弱点:

### 4.2 弱点

- 参数调整困难虽然我们模型中的多个参数保证了模型的灵活性,但是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的访问数据,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,并在不同情况下刺激真菌的生长和分解。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

## 真菌在生态系统中的作用研究进展

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关的过程:生物合成和生物降解。前者是无机物的有机化过程,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,即森林凋落物的分解过程。凋落物分解一般包括三个阶段:淋溶阶段、破碎阶段和有机质分解代谢阶段。

与物质分解有关的土壤生物有两组,即土壤动物和土壤微生物。它们不仅形态结构 不同,而且在物质分解过程中起着不同的作用。从凋落物分解过程来看,动物的分解 主要是机械破碎,而微生物参与了凋落物分解的生化过程。

土壤微生物是生活在土壤中的微生物的总称。作为装饰者,它们是森林生态系统不可或缺的一部分。凋落物层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有机物的分解。真菌,尤其是丝状真菌,被认为在凋落物分解中起主要作用。

真菌分解枯枝落叶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残体中,分泌胞外酶,降解凋落物中含有的难降解物质(如木质素),从而软化植物残体,改变凋落物的结构和化学组成。基于此,真菌在生态系统中扮演着以下重要角色。

- 参与碳循环,维持生态系统平衡。微生物呼吸产生的 CO2 约占植物光合成所需 CO2 总量的 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起着至关重要的作用。
- 参与植物修复,提高植物抗逆性。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域中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。腐植酸盐

含有大量的功能基团,既能改良土壤又能刺激作物生长。土壤中腐殖酸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不受病原体和昆虫的侵害,根际的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。

#### • 真菌种间相互作用的影响

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,也就是养分,是足够的。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,短期来看,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,其中数量 Ni 的强度要高得多。考虑相互作用后,一般数 Ni 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。在这样的条件下,真菌之间的竞争使得它们的生长极其缓慢。因此,它们的量 Ni 非常低。

#### • 环境对真菌的影响

从我们的灵敏度实验结果来看,最佳温度附近的温度变化将对真菌活性产生较大影响。如果当地天气变化异常,真菌的生长和木质纤维的分解效率会更低,变化更不可预测。对于湿度,如果太干燥,真菌的活性也会受到很大限制。

总之,真菌作为分解者,在生态系统中起着重要的作用。抽象地说,真菌分解的重要意义是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束缚在死去的生物体上,不能被活着的生物体利用,那么生物体的生命终将结束。