2021 美国大学生数学 建模和交叉学科 建模竞赛;美国 大学生数学建模 竞赛 观察记录表 团队控制编号 2120808

地球的清洁者:真菌 摘要

真菌通过呼吸作用将有机物分解成无机物,在生态系统中起着至关重要的作用。 本文通过建立真菌分解模型、真菌繁殖模型和真菌种群竞争模型,探讨了它们的分解 能力、多物种相互作用和生物多样性的意义。

首先,我们收集文献中的原始实验数据。在清除冗余值后,我们最终获得了34个真菌样本。然后我们通过需求中提供的参考文献的结论来检验它们的可信度。此外,我们根据这34个样品的耐湿性和菌丝延伸率,通过层次聚类法将其分为3类。它包括短跑运动员、中长跑运动员和长跑运动员。此外,我们还提出了4种潜在的真菌分解模型。然后,应用多元线性回归分析,通过比较得到多物种的真菌分解模型。

然后,基于微分方程建立了单种群的种群增长模型。此外,我们通过引入相对环境影响因子获得真菌繁殖模型。此外,我们还建立了真菌种群竞争模型。同样,我们通过引入相对环境影响因子来量化真菌与环境之间的相互作用。基于这些模型,我们进行了模拟,发现在最优环境和相同初始比例的条件下,多物种群落的种群规模是单物种的1.5倍,分解率是单物种的1.45倍。

接下来,我们阐明了环境波动的具体形式长散作爆发环境中的水分和温度像三角函数一样周期性变化。此外,结合我们之证建区风模型大我们分析了真菌种群规模和分解速率对环境短期和长期快速波动的敏感性。我们发现真菌,尤其是多物种群落,在短期内容易受到环境波动的影响,但在长风内保持稳定。同样,我们进行了模拟,发现在环境波动下,多物种群落的种群规模是单一物种的 1. 18 倍,分解率是单一物种的 0. 93 倍。

此外,我们还分别预测了干旱、半干旱、温带、树栖和热带雨林4种多物种组合在不同环境中的表现。此外,我们还提出了最佳组合,以及各物种在这些环境中的相对优势和劣势。我们还发现,包含更多物种的真菌群落更容易存活。此外,我们还比较了在最佳环境条件和波动下单物种和多物种的组成比率,以说明双多样性的作用和意义。我们认为,在环境波动下,具有丰富生物多样性的真菌系统更稳定,繁殖更好。

最后,我们讨论了这些模式的优缺点,并为大学生提供了科学的介绍性文章。

关键词:真菌,生物多样性,层次聚类,微分方程

Toom #

内容

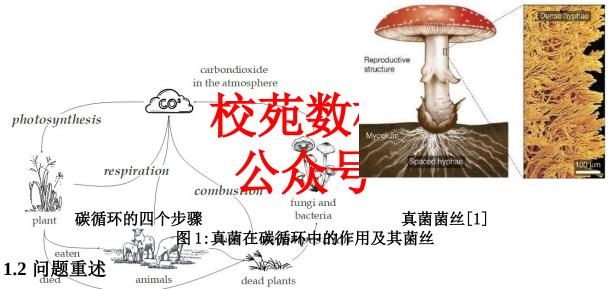
1 Introduction	}
1.1Problem Background	i
1.2Restatement of the Problem	n
1.3Literature Review	V
1.4Our Work & Model Overview	V
2 Assumptions and Justifications	
3 Notations	5
4Data Description	5
4.1Data Acquisition & Pre-processing	g S
4.2Data Visualization & Validity Examination	1
4.3Clustering Analysis	3
5 Fungal Decomposition Model	
5.1 Multiple Linear Regression Model	L
5.2	n 10
5.3 Model for Multi Species	3
6 Fungal Propagation Model	
6.1Single Species Propagation without Environmental Fluctuations	3
6.2Single Species Propagation with Environmental Fluctuations	
6.3Simulation Results	3
6.3 Simulation Results 6.4 Sensitivity Analysis	3
7Fungal Population Competition Model	
7.1Population Competition without Environmental Fluctuations	3
7.2Population Competition with Environmental Fluctuations	3
7.3Simulation Results	3
7.4Sensitivity Analysis	3
7.5Species Competition under Different Climates	3
7.6Diversity of Fungal Communities	3
8 Model Evaluation and Possible Improvements	
8.1	s 20
8.2 Weaknesses	s 20
8.3Possible Improvements	3
9 Conclusion)
10 Article	
References	
Appendices	5

Toom #

1介绍

1.1 问题背景

近年来,工业飞速发展,碳排放急剧增加。因此,公众对实现碳平衡的担忧根深蒂固。碳元素是地球上所有生物的基本元素。它通过各种物质在生物圈、岩石圈、水圈和大气层之间传递。这样,一个碳循环就形成了。碳循环包括光合作用、分解、呼吸和燃烧四个步骤。真菌在分解部分起着重要作用,引起了人们的广泛关注。它们以死去的植物和动物为食,通过吸收溶解的分子获取营养,并通过生长菌丝繁殖后代。研究温度、湿度(即水分)等不同因素对真菌生长的影响具有重要意义。然后我们就可以深入了解如何实现碳平衡。



考虑到问题陈述中确定的真菌背景管息和限制条件,我们应该解决以下问题:

- 问题 1:建立一个数学模型来描述真菌分解下地面垃圾和木质纤维的分解。值得注意的是,我们应该考虑具有不同生长速率和耐湿性的不同物种之间的相互作用。
- 问题 2:分析环境中快速流动条件下模型的敏感性。描述不同类型真菌之间短期和长期的相互作用。描述相互作用的动态。此外,我们应该确定不断变化的大气趋势的总体影响,以评估当地天气模式变化的影响。
- 问题 3: 预测每个物种及其潜在组合的相对利弊,并针对某些特定环境进行预测。
- 问题 4:描述一个系统中真菌群落的多样性如何影响一个系统的整体效率

Toom # Page 4 of

垃圾。最后, 预测生物多样性在当地环境不同程度变异中的重要性和作用。

1.3 文献评论

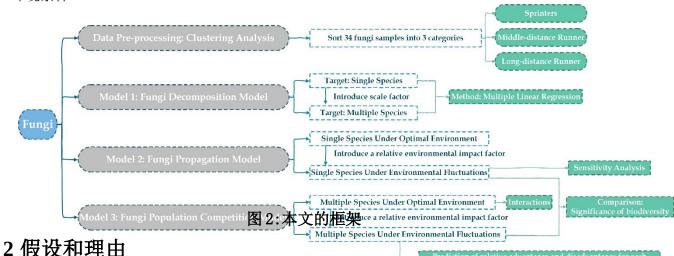
真菌在陆地生态系统和生物多样性中的突出作用已被广泛认可。进行了大量关于 真菌的实验。在回顾文献后,我们发现主流的分析方法是基于其特性的[2-6]。

McGi11等人(2006)证实,社区内基于特征的方法需要考虑相互作用环境(生物相互作用)[2]。尼基·Lus-滕豪斯、丹尼尔·梅纳德和马克·布拉德福德(2020)探索了大量不同的真菌特征及其对木材分解的影响[3]。从他们的研究中,我们决定用菌丝延伸率来表示生长率,这也将在数据描述部分得到验证。此外,根据范德瓦尔的研究,我们得到木材含水量和真菌群落的物种丰富度是老树桩质量损失的最佳预测因子[7]。因此,我们在预测的时候会盯着这两个因素。此外,从Schimel,j.的研究来看,保持水势对于通过基质扩散来保持膨压和养分是必不可少的[8]。

1.4 我们的工作和模型概述

对数据进行预处理后,建立了真菌分解模型、真菌繁殖模型和种群竞争模型。在环境波动下对单个物种的分析方在测试物感觉从内部交流

多种群之间的效应由最优下的多种群来说明 环境条件。



为了简化给定的问题,我们做了以下基本假设,每一个假设都是合理的。

假设1:对于相同的真菌群落,耐湿性是一个常数,而与真菌组成比例呈线性 关系 Toom # Page 5 of

多种真菌。

- ➡ 理由:根据艾尔斯特的研究,单个物种的分离株之间的水分活度(马体)的 差异很小[9]。因此,我们认为这种假设是可信和可信的。
- 假设2:木质材料的分解过程经历多个阶段,在此期间,各阶段对于中间周期 是一致的。
 - ➡ 理由:附件研究文章文献简介[3]暗示我们可以专注于中间阶段,并做出这一假设。
- 假设3:环境波动只反映在温度和湿度的变化上。
 - ➡ 理由:气候的两个主要因素是温度和湿度。此外,真菌的生长与温度和湿度密切相关,因此温度和湿度的变化可以代表环境的波动。
- 假设 4: 真菌种间的相互作用主要体现在种群竞争上
 - ➡ 理由:物种之间的关系可以是竞争和相互依赖。但是不同种类的真菌属于同一种生物,它们之间的相互依赖性并不明显。因此,我们只考虑他们的竞争来表达互动。

3 记号

表1列出了本文中使用的发展数字符号。

表上、本人界使用的行号						
标志	描述	单位				
D	分解速度	122天内质量损失百分比				
H	菌丝延伸速度	毫米/天				
III	耐湿性	_				
G	增长率	毫米/天				
7	时间	天				
7t	真菌种群规模	紧张/				
ω	水分生态位宽度	公共管理 硕士 (Master of Public Administr ation)				
U	温度生态位宽度	$^{\circ}\!$				
x	环境湿度	公共管理 硕士加 ² (Master of Public Administr ation)				
$\underline{}$	环境温度	${\mathbb C}$				

4 数据描述

4.1 数据采集和预处理

我们利用尼奇·卢斯滕尤在他的文献附录中的实验数据[3]和丹尼尔·梅纳德在一个专用的 Git Hub 存储库中的存档数据[10]。存档的数据集主要包含真菌性状数据和真菌气候数据。这

Toom #

补充信息总结了分解率。两者都符合给定问题的数据。我们仔细梳理了三份档案,保留了相同的真菌样本,删除了不一致的数据。最终得到34个真菌样品,包括分解率、生长率、密度、竞争排名、水分生态位宽度等。此外,相应的网站如下:

表 2: 数据源排序规则

资料组 网站来源

真菌特性和气候 https://github.com/dsmaynard/fungal_biogeog-摄影术

1对尔/八

https://www.pnas.org/con-

补充信息

4.2 数据可视化和有效性检查

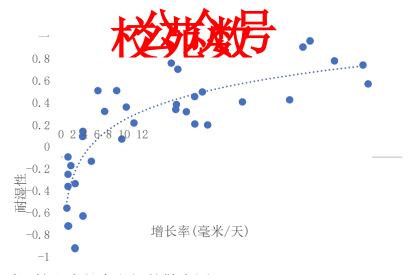


图 3: 真菌耐湿性和生长率之间的散点图

此外,为了验证菌丝延伸速度和真菌生长速度之间的关系,我们还描绘了它们之间的散点图。如图 4 所示,真菌生长速度与菌丝延伸速度一致。由于菌丝延伸速率近似线性相关,因此证实了用菌丝延伸速率来表示真菌生长速率的可能性。倒数第二

Toom # Page 7 of

同样重要的是,由于两篇论文一致性的特点,我们证实了本文所用数据的真实性,这也可以从图3和图4中得到证明。

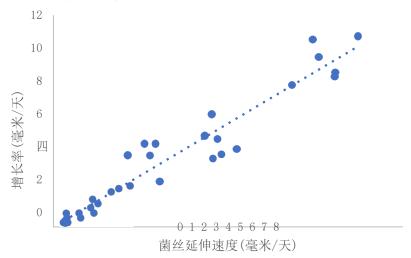


图 4: 菌丝延伸速度和生长速度之间的散点图

4.3 聚类分析

由于我们被期望描述不同类型真菌之间的相互作用,我们推断我们需要根据它们的特征将不同的物种分为不同的类型。在开始的政保,聚类的数量还没有确定,所以我们在 SPSS 的帮助下应用系统聚类为这进行分析。根据肘形法,可以估计最佳的簇数。

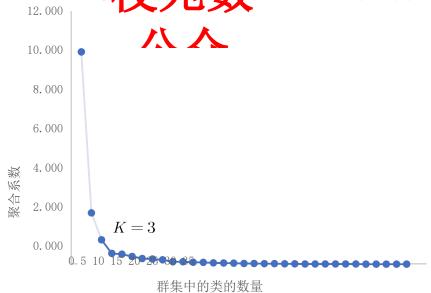
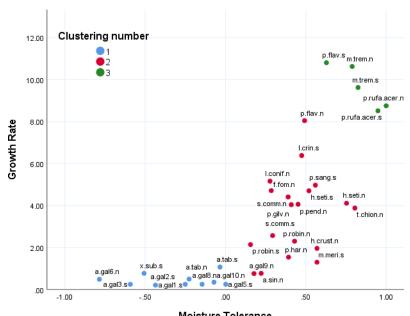


图 5: 肘部方法

如图 5 所示,当类别数从 1 到 3 不等时,聚合系数急剧下降。但随着 K 的继续扩张,它会有所回落。因此,我们假设将 K 值设为 3 会更合理。因此,我们再次对它们进行聚类。结果如下图所示:

Toam # Dago Q of



Moisture Tolerance

图 6:聚类结果

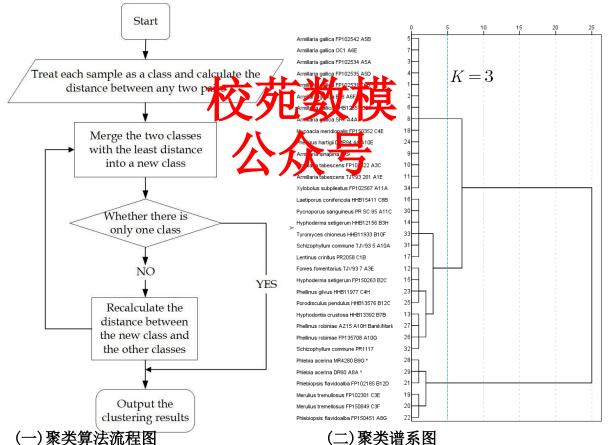


图 7:聚类分析

根据上面的谱系图和结果图,我们假设真菌样品可以分为三种类型:耐湿性高的生 长速度较快(即在环境变化下生存和生长的能力较差)、耐湿性低的生长速度较慢(即能 力较好)和耐湿性足够的温和生长速度。在图6中,增长率较快的组对应于增长率较慢 的绿点组(聚类数为3)

Toom # Page 0 of

社区对应蓝点组(聚类数为1),最后一个,红点代表轻度增长率。此外,聚类结果可以排序如下表3:

寿	3	•	聚类结果
1	U	٠	水大沿入

	1 2 2 3 4 4			
真菌 种类	特征	平台	再	机器翻译
短跑运动员	增长最快,最窄 水分生态位宽度	1.488	17.82	0.838093895
中距离 跑步者	用更宽的湿度变得更温和- 真实生态位宽度	1.75	15. 32	0. 432854017
长途电话局 跑步者	最宽的莫伊生长最慢- 真实生态位宽度	3. 19	19.9	- 0. 304769188

注:水分生态位宽度缩写为 MNW, 温度生态位宽度缩写为 TNW, 水分耐受性缩写为 MT 在表 3 中, 我们将每个物种耐湿性的算术平均值设置为 聚类后整个类别的耐湿性值。

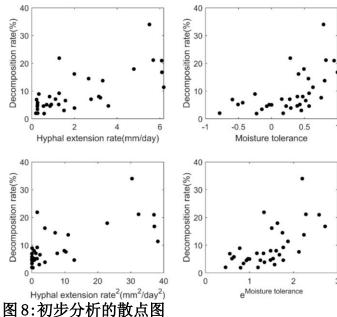
5 真菌分解模型

在文献[3]中,研究人员测量了木块中的质量损失,以量化地面垃圾和木质纤维的分解过程。同样,我们将 fun- gal 分解能力量化为它们在一段时间内的分解速率(通常是 122 天内的质量损失百分比)。然而,有许多因素导致了真菌的死亡构成率。根据需要,我们只考证减少和生

费率。

5.1 多元线性回归模型

仔细观察提供的两个数字揭示了分解速率与菌丝延伸速率和水分平衡的粗略关系。为了进一步研究这种关系,我们仍然绘制散点图,应用我们收集的数据,如下图 8 所示:



Toom # Page 10 of

根据我们收集的数据的特点,我们估计几种潜在的回归方程类型如下:

$$\begin{cases}
D = \alpha + \beta H' + \lambda m + \mu_i \\
D = \alpha + \beta H'^2 + \lambda m + \mu_i \\
D = \alpha + \beta H' + \lambda e^m + \mu_i \\
D = \alpha + \beta H'^2 + \lambda e^m + \mu_i
\end{cases} \tag{1}$$

其中,D代表分解速率,m代表真菌的耐湿性,H代表菌丝延伸速率。由于真菌菌丝延伸速率与环境温度密切相关,我们得到了 10° 、 16° 和 22° 下菌丝延伸速率的数据,考虑到与数据集处理方法的一致性,我们决定采用这三个值的算术均方根值来综合表示菌丝延伸速率。因此,H' 值可以表示为:

$$\frac{H'}{\sqrt[3]{H_{10}H_{16}H_{22}}} \tag{2}$$

5.2 参数估计

我们采用普通最小二乘法来估计方程中的参数(3)在斯塔塔的帮助下。

表 4:每个潜在模型的回归结果

模型	α	β	11-DW		爱马仕	F	Р
E1	4. 031002**		17. B196638*+		5. 2765	15.7	0.000
	*		***			1	0
E2	5. 780003**	0.3297277**	3. 21938	0.472	5. 2721	15.7	0.000
	*	*		3		7	0
注:¥表示	· 99%的管6公	英特维亚然钱,	1.829412 **我号 ans	95%0. 475	5. 2573	15.9	0.000

从上面的回归结果来看,很明显四个模型的 F 值对应的 P 值(表 4 最后一列)都小于 0.01,所以四个模型都通过了联合显著性检验。

然后,我们进行他们的异方差 BP 检验。零假设是四个模型的扰动项不存在异方差。测试结果如下:

表 5: 各潜在模型的异方差 BP 检验

模型	p 值
E1	0. 2279
E2	0. 2448
E3	0. 2345
E4	0. 2788

同样,我们可以观察到所有模型的 p 值都超过了 0.05。因此,我们接受零假设,并得出结论,四个模型的包项不存在异方差性。

因为所有潜在模型都通过了联合显著性检验和异方差 BP 检验。至于回归中的多重 共线性问题,很明显菌丝延伸速度与耐湿性有一定联系,结合图 3 和图 4,这个问题肯 定存在。但是因为我们建立模型的目的是 Toom # Page 11 of

预测,而不是解释,我们更在乎拟合的好与它的预测能力。因此,我们可以忽略多重 共线性的问题。虽然可能会扩大误差,但对其预测能力没有影响。权衡利弊,选择 Adj-R2值最大的模型,即(3)中的等式4,得到如下等式:

$$D = 2.518892 + 0.2980319H'^2 + 3.059665e^m$$
 (3)

5.3 多物种模型

考虑到不同种类真菌之间的相互作用,我们把多种群看作一个整体。因此,对于多物种的分解模型,我们需要计算出相互作用下的 H 和 M 值,然后利用等式(5)获得多物种的分解速率。此外,我们的目标是三种真菌,即表 3 中的短跑运动员、中长跑运动员和长跑运动员。这里我们根据经验建立以下模型:

$$H' = a_1 H_1 + a_2 H_2 + a_3 H_3$$

其中H1、H2and H3 分别代表三种真菌的菌丝延伸速度。根据"假设和理由"部分中的假设 1 获得多种物种的耐湿性:

$$m = a_1 m_1 + a_2 m_2 + a_3 m_3 \tag{5}$$

其中a1、a2and a3分别代表三种真菌的比例,m1、

m2 和m3 代表三种真菌的耐湿性。因此,结合等式(5)(6)(7),多物种模型可以表示如下:

$$D = 2.518892 + 0.2980319 (a_1 H_1 + a_2 H_2 + a_3 H_3) + 3.059665 e^{(a_1 m_1 + a_2 m_2 + a_3 m_3)}$$
 (6)

6 真菌繁殖模型

。公众号

6.1 无环境波动的单物种繁殖

随着真菌继续繁殖,它们的种群数量n随着时间的推移而增加,这可以表示为:

$$\frac{dn}{d\tau} = Hn$$

然而,由于自然资源有限,且在此过程中产生了水和释放了热量,H菌丝延伸速度将随着种群规模扩大而减小,即n增加。因此,H应该与n:一起运作

$$H(n) = H - Sn \tag{8}$$

另外,什么时候 \mathbf{i} 加,**一**数们得**致**n)= 0

$$S = \frac{H}{N_m} \tag{9}$$

(10

$$\frac{dn}{d\tau} = H(n) \quad n = Hn\left(1 - \frac{n}{N_m}\right)$$

6.2 环境波动下的单物种繁殖

首先,我们阐明了波动的具体形式。从相关性来看,我们假设环境中的水分和温度是周期性变化的

Toom # Dogo 12 of

比如三角函数。因此,我们设置了环境湿度和温度的原始三角函数。根据要求,我们只考虑湿度和温度,并考虑8种潜在情况,如下表6所示:

	表 6:波动的具体形式	
	水分	温度
湿度变化,但温度保 持不变	原始三角函数 操作 振幅增加 角速度增加	留下
温度变化,但水分保 持不变	留下	原始三角函数 功能 振幅增加 角速度增加
温度变化 和湿度变化	相同频率的原始三角函数 不同频率的原始三角函数	, N. —

根据文献[10],真菌可以在 0-50 ℃之间存活,而最佳温度范围为 22-32 ℃。此外,他们可以生活在-5 至 0 兆帕的水分,而最好的范围从-1 至-0.2 兆帕。当环境湿度x 保持不变,温度y 周期性变化时,例如 $y=32+5sin(0.1\tau)$,我们需要将这些区间型指标向前控制为:

$$x' = \begin{cases} \frac{-1 - x}{M}, & x < -1 \\ -1 \le x \end{cases}$$

$$x < -1$$

其中,y' 是环境温度的积极指标。正湿度值x' 可以从剩余的x值中获得。我们引入一个相对环境影响因子 σ 来量化环境波动的影响。人口规模可以表示为:

$$\frac{dn_{i}(\tau)}{d\tau} = H_{i0}n_{i}(n_{i}) = H_{i0}n_{i}\left(1 - \frac{n_{i}}{N_{m}} - \sigma\right)$$

$$\sigma = k_{1}x'(1 - \omega') + k_{2}y'(1 - \upsilon')$$
(13)

其中 ω' 代表相对湿度生态位宽度,而 ν' 代表相对温度生态位宽度。k1 和k2 是比例常数。

此外,当温度y保持不变而环境湿度x周期性变化时,以及当环境湿度x和温度y周期性变化时,情况都遵循同样的方法。

Toom # Page 12 of

6.3 模拟结果

对于没有环境波动的单一物种繁殖,我们设定

 $H_{1=0.8}$ 、 $H_{2=0.4}$ 、 $H_{3=0.2}$ 、 $N_{1=N_2=N_3=2000}$ 观察了三种真菌群落的情况:

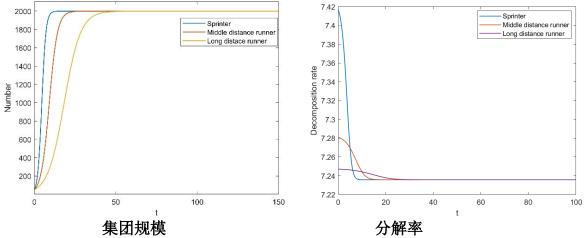
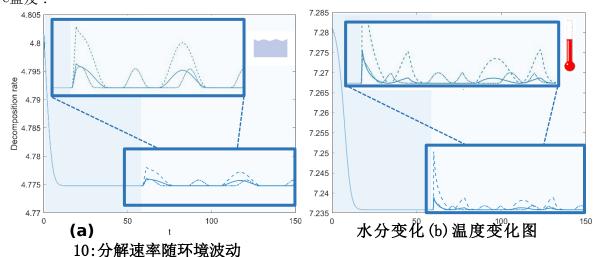


图 9:没有环境波动的单一物种繁殖模型

从图 9 (a) 可以看出,在最佳环境温度下,随着时间的推移,三种真菌的群体规模最终趋于平衡。此外,在这种情况下,短跑运动员似乎是赢家,因为他们的增长率高于其他人。长跑运动员被落下了。此外,它们的分解速率实际上是恒定的,这从图 9 (b) 中可以明显看出。



我们采用实线代表原始三角函数,虚线代表振幅增大的情况,点划线的轨迹表示 角速度增大。

6.4 灵敏度分析

在图 10 (a) 和 (b) 中,值得注意的是,在第一个周期中,所有三条线的分解率都急剧上升,但幅度呈现出以下趋势

Toom # Page 14 of

稍后拒绝。因此,我们推断分解率在短期内感受到了环境波动的巨大压力,但这种影响会随着时间的推移而消退。换句话说,从长远来看,它的影响将会减弱。

由于环境波动,菌丝延伸速度受水分或温度变化的影响,开始降低,甚至变成负值。人口规模的扩张速度开始下降,甚至萎缩。因此,真菌之间的竞争变得不那么激烈。此外,真菌个体的分解能力不再受到抑制,获得了适度的提高,这使得单个真菌物种的整体分解速率在小范围内波动。此外,分解率在波动中上升而不是下降。

比较图 10 (a) 和 (b) 中的实线和虚线,我们可以发现,当水分变化的幅度扩大时,分解率增加的程度变大,表明在这种情况下,单个物种的分解率对水分变化的幅度很敏感。同样,将实线和虚线进行比较,当水分变化的角速度增加时,分解速率变化的趋势提前,这表明在该模型中水分变化越快,单个物种的分解速率变化越快。因此,分解速率对水分变化速率很敏感。对温度的分析也是如此。

7 真菌种群竞争模型

7.1 没有环境波动的人口竞争

我们把 a、b、c 人口的最大数量分配投资 N1、N2、N3。由于多真菌群落中物种对空间和养分的竞争,单个类群的繁殖会受到其他类群繁殖的影响。此外,随着单个真菌类群数量的增加,单个真菌类群的生长率下降。因此,我们获得:

$$\frac{dn_1(\tau)}{d\tau} = H_1 n_1 \left(1 - \frac{n_1}{N_1} \right) - \sigma_{21} \frac{n_2}{N_2} - \sigma_{31} \frac{n_3}{N_3}$$

其中, σ 21 表示 b 组单位量消耗的木质纤维质量 (与N2 相比)和 a 组单位量消耗的质量 (与N1).相比)之间的相对比率,b 组最初用于喂养 a 组换句话说,如果 σ 21 〈 1,当 b 组和 a 组争夺食物时,他们的竞争力就不如 a 组了。同样,其他人也有同样的规则。根据等式 (13),我们可以得到:

$$\frac{dn_2(\tau)}{d\tau} = H_2 n_2 \left(1 - \frac{n_2}{N_2} - \sigma_{12} \frac{n_1}{N_1} - \sigma_{32} \frac{n_3}{N_3} \right) \tag{16}$$

$$\frac{dn_3(\tau)}{d\tau} = H_3 n_3 \left(1 - \frac{n_3}{N_3} - \sigma_{13} \frac{n_1}{N_1} - \sigma_{23} \frac{n_2}{N_2} \right) \tag{17}$$

哪里, $\sigma_{\mathfrak{G}_{2}}$ $\sigma_{\mathfrak{G}_{1}}$ \mathfrak{G}_{23} σ_{23} $\sigma_{32} \leq 1$.

7.2 环境波动下的人口竞争

由于菌丝延伸较快的真菌类群往往被赋予较小的水分生态位宽度和温度生态位宽度。湿热时,它们的菌丝延伸速度比其他类型更敏感。我们还引入了相对环境影响因子 σ 来量化环境的影响

Toom # Page 15 of

和前向控制间隔类型指示器x和y. 此外, ω' 代表相对湿度生态位宽度, ν' 代表相对温度生态位宽度。换句话说:

$$\omega_{i}' = \frac{\omega_{i}}{\sum \omega_{i}}$$

$$v_{i}' = \frac{v_{i}}{\sum v_{i}}$$

$$(18)$$

$$(19)$$

因此, A组的增长率可以表示为:

$$\frac{dn_{1}(\tau)}{d\tau} = H_{1}n_{1}\left(1 - \frac{n_{1}}{N_{1}} - \sigma_{21}\frac{n_{2}}{N_{2}} - \sigma_{31}\frac{n_{3}}{N_{3}} - \sigma_{1}\right)$$

$$= H_{1}n_{1}\left[1 - \frac{n_{1}}{N_{1}} - \sigma_{21}\frac{n_{2}}{N_{2}}\sigma_{31}\frac{n_{3}}{N_{3}} - k_{1}x(1 - \omega_{1}') - v_{\underline{1}}'\right]_{k_{\underline{2}}y(1}^{(20)}$$

其中k1和k2是比例常数。

我们只考虑两种情况,包括湿度变化但温度保持不变和温度保持不变但湿度变化。至于两者的情况变化,可以认为是以上两个条件的叠加,这里就不赘述了。

7.3 模拟结果

7 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	2144 h474170 lb(- 2110 h474 lbb) h h - 77174 .							
表7:其他初始值·								
标志	价值	标志	价值	禄志	价值	标志	价值	
H_1	0.8	N1	2000	σ 21	0.7	σ 23	0.8	
$\boldsymbol{H}2$	0.4	N 2	2000	σ 12	0.8	σ 31	0.56	
H 3	0.2	N 3	2000	σ 32	0.7	σ 13	0.64	

借助于MATLAB,我们得到了它们随时间推移的尺度趋势。从图 11(a)中,值得注意的是,它们的比例最终仍然保持平稳。那时,短跑运动员占大多数,而中长跑运动员占少数。尽管如此,这三种真菌的总和起初猛增,最后趋于平缓。从图 11(b)中可以清楚地看出,分解速率在这样一段时间内激增并达到峰值,但随后稳步下降到稳定值。我们认为这是因为短跑运动员在开始时发展迅速,但后来长跑运动员占大多数。此外,根据文献[3]中的图 1C,分解速率与菌丝延伸速率呈正相关。长跑运动员的比例后来变大,导致比率降低。因此,它的性能如图 11(b)所示。

此外,在最佳环境和相同初始比例的条件下,多种群的种群规模是单种群的 1.5 倍,分解率是单种群的 1.45 倍。

Toom # Dago 16 of

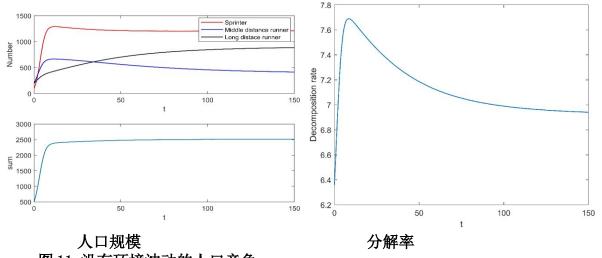
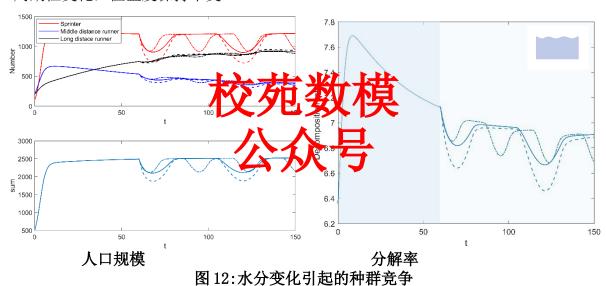


图 11:没有环境波动的人口竞争

7.4 灵敏度分析

对于具有环境波动的多物种生长模型,当湿度x周期性变化,但温度保持不变:



在图 12(a)中,我们注意到当水分浓度发生较大变化时,种群规模的相对优劣也会发生变化。作为双方,比赛结果很难确定,因为它没有达到平衡。因此,在这种情况下,水分是人口竞争的主要因素。在图 12(b)中,对于三种线的第一个周期,分解率都突然减小。此外,其程度在随后的几个循环中增长,表明当水分变化但温度保持不变时,多种真菌的分解速率在短期内很大程度上易受环境波动的影响。由于这种波动的累积效应,影响会更深。因此,在这种情况下,分解率将越来越小,不断改变真菌分解地面垃圾的能力。此外,与图 12(a)所示的多物种种群规模长期趋于稳定的现象相比,这表明多物种中存在真菌个体

Toom # Dago 17 of

当遇到环境波动时,社区更有可能降低其分解能力,以确保自身人口规模的稳定性。此时,多物种群落对环境波动的敏感性与单物种相似。当变化幅度变大时,多物种群落的衰退程度

当温度周期性变化但水分保持不变时:

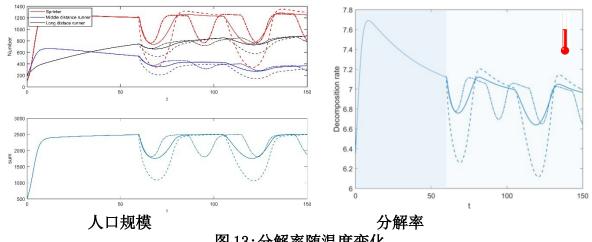


图 13:分解率随温度变化

比较图 13 和图 12,我们可以发现它们是相似的,除了图 13 中的变化幅度更显著。在这种情况下,多物种群落对温度波动比湿度变化更敏感。

7.5 不同气候下的物种竞争 人名

首先,我们在网站上收集十二、盆带、树栖和热带雨林的气候信息[11-15]。

表 8: 气候信息

气候	不毛 的	半干旱地 区	有节制的	树木的	热带的 雨林
水分	-5	-3.6	-3 . 3	-2 . 8	0
温度	50	26	24	26	28

注:水分单位为 MPa, 温度指夏季白天(℃)

根据方程(15)(16)(17),借助MATLAB,我们可以预测不同物种组合的表现。考虑到这三个物种所有潜在组合的组合,我们得到了它们在五个不同区域的行为趋势曲线。在图14(a)中,所有的物种组合都在消亡,这与真菌通常在干旱地区生长不好的常识是一致的。然而,在像干旱气候这样艰苦的条件下,长跑运动员仍然占据主导地位,因为他们活得更久。所以,他们有相对优势。在图14(b)中,我们可以注意到无论是哪种组合,长跑运动员都会脱颖而出。中距离跑者在与短跑运动员一起成长时占主导地位,但与长跑运动员相比就相形见绌了。况且短跑运动员一点优势都没有。

Toam # Dago 19 of

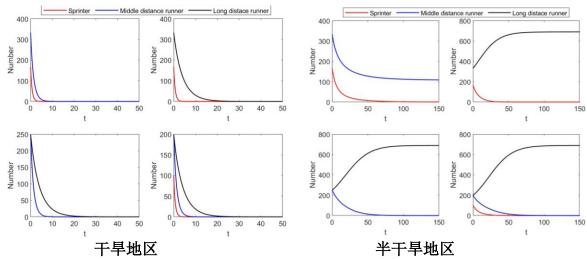
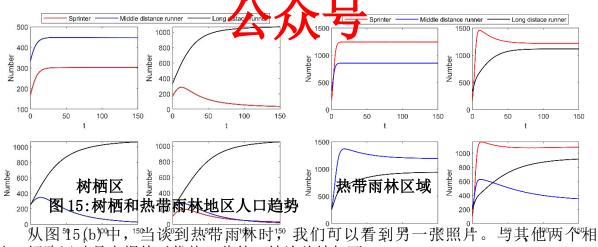


图 14: 干旱和半干旱地区人口趋势

温带地区和乔木地区的情况与半干旱地区十分相似。他们之间唯一的区别是短跑 运动员可以生存, 但在与中长跑运动员竞争时仍然处于劣势。短跑运动员之所以还能 活下来,可能是他们出色的菌丝延伸能力。因此,尽管面临巨大的环境压力,它们仍 然可以保持较小的人口规模。由于页数限制,我们在此不再重复。至于热带雨林环境:



比,短跑运动员占据绝对优势。此外,结论总结如下:

			<u> 表 9: 结论摘要</u>			
Ę	候	不毛 的	半干旱地 区	有节制的	树木的	热带的 雨林
最佳合	作伙伴	没有	没有人	S+M	S+M	全部
		人				
优	势	L	L	L	L	s, L
不足	之处	s, M	s, M	s, M	s, M	M

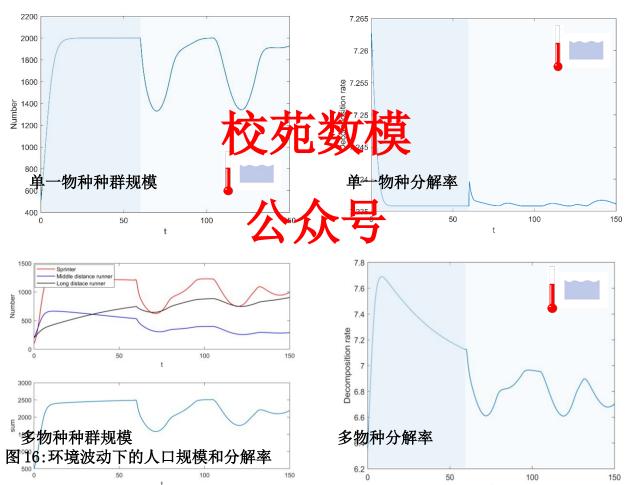
注:S代表短跑运动员,M代表中长跑运动员,L代表短跑运动员

Toom # Page 10 of

长跑运动员。最佳伴侣是指多种物种的结合能够保持持续友好共存关系的情况。在那种情况下,优势指的是优势种,而劣势指的是弱势种。

7.6 真菌群落的多样性

为了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,并预测生物多样性的重要性和作用,我们比较了当环境湿度和温度都在创造机会时单个物种和多个物种的表现。至于单物种的情况,我们以中长跑运动员为例。



通过比较图 16(a) 和(c),我们发现在相同的初始种群规模和最优气候条件下,多物种的种群规模大于单物种的规模。当两者都遇到环境波动时 $(\tau = 60)$,值得注意的是多物种的种群规模更稳定,最终的平衡值也比单物种大。因此,它生动地说明了生物多样性对生态系统的稳定和繁殖有很大的贡献。

Toom # Page 20 of

通过比较图 16(b)和(d),我们发现在相同的初始种群规模和最优气候条件下,多种群的总体分解速率大于单种群的分解速率。然而,当它们都遇到环境波动($\tau = 60$)时,值得注意的是,单个物种的分解速率更稳定,最终的平衡值也大于多个物种。因此,在适当的气候条件下,真菌群落的多样性可以促进地面垃圾的分解,但在遇到环境波动时没有帮助。

此外,在环境波动下,多物种群落的种群规模是单物种的 1.18 倍,分解速率是单物种的 0.93 倍。

最后但同样重要的是,根据不同气候下物种竞争部分的分析,我们可以得到相同的结论。物种数量多的组合比物种数量少的组合更容易存活,对环境的影响更大。

8 模型评估和可能的改进

8.1 强项

- 在提出我们的模型之前,我们借助于 SPSS 对数据进行了预处理。我们通过聚 类分析将可利用的真菌样品分为三类,这为后续的工作奠定了明确的研究目标。
- 基于微分方程的种群繁殖模型和竞争模型是科学合理的。
- 该模型具有较好的通**用**人和**可扩展性。如果**们需要考虑其他因素的影响, 我们可以修改微分方程来升级模型。

8.2 弱点

- 由于数据不足,我们的研究范围仅限于收集到的数据中涵盖的物种。因此,模型仍然不够全面。
- 我们不考虑捕食者、PH值、日照等常见因素。

尽管有这些缺点,我们希望我们的模型有助于真菌的研究和生物学的改进。

8.3 可能的改进

事实上,真菌的生长受到各种因素的影响。量化捕食者、酸碱度、阳光等我们将 修改微分方程,使其更适合常见情况。此外,如果能获得更多的数据,真菌群落的分析 和模拟可以更加准确。

9 结论

我们的论文详细分析了多种真菌物种之间的相互作用以及真菌群落的生物多样性 对系统的影响。在引入该模型之前,我们分析了不同真菌类型的特征,并通过聚类分 析将其分为三类。提出了真菌分解模型、真菌繁殖模型和真菌种群竞争模型。 Toom # Page 21 of

我们利用真实的实验统计来模拟各种情况,包括单个物种和多个物种,有环境波动和无环境波动,以及短期和长期趋势。仿真结果非常符合实际和常识。根据对每个物种相对优势和劣势及其潜在组合的预测,我们模拟了三种类型的真菌在不同环境中的行为,包括干旱、半干旱、温带、树栖和热带雨林。此外,针对不同的环境,提出了不同物种的最佳组合和最有利物种。此外,对于生态系统中生物多样性的重要性的分析,我们得出结论,在适当的气候条件下,真菌群落的多样性可以加速地面垃圾的分解,但在遇到环境波动时没有帮助。

校苑数模 公众号

第一单元地球的清洁者:真菌

■ 研究目标:

- 1. 了解真菌在生态系统中的作用。
- 2. 了解真菌的繁殖方法。
- 3. 掌握真菌的特性。
- 4. 掌握单个真菌的生长节律和多种真菌对群落的影响。

1.1 什么是真菌?

真菌(复数:真菌)是真核生物群的成员,包括像酵母、霉菌和蘑菇这样的微生物。这些生物与其他 真核生物是分开的

植物和动物因其独特的校字符苑泰瑞丝-数 抽遍共量第 化如 中之间存在差异,

- ✓ 真菌有真正的细胞核: 公
- ✓ 没有叶绿素,真菌就不能进行光合作用 为了合成,必须靠吸收营养为生;
- ✔ 真菌靠丝状菌丝生长;
- ✓ 无性繁殖和有性繁殖对它们都是可用的;
- ✔ 孢子产生,开始新的产生;
- ✓ 真菌细胞壁主要由几丁质和/或纤维素组成。

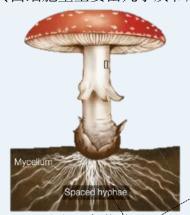




图 1: 真菌菌丝[1]

1.2 真菌在生态系统中的作用

对于一个长期可持续的生态系统,必须有生产者、消费者和分解者。生产者是包括绿色植物和自养微生物(如硫杆菌、硝化细菌、蓝细菌等)在内的生物,为生态系统中的各种器官提供物质和能量。动物和寄生微生物(如病毒)是消费者,它们的作用是促进生态系统中物质的循环和流动。像真菌这样的腐生微生物是分解者,它们清理死去的动物和植物的身体,并提供二氧化碳

众肥沃的号在生物圈、岩石圈、水圈和地球上所有生物的精神

元素之间。它通过各种物质穿越大气层,因此 形成碳循环,包括光合作用、分解、呼吸和燃烧四个步骤。作为作曲家,真菌在分解部分起着至关重 要的作用,通过它们的呼吸作用将有机物质转化为 无机物质。

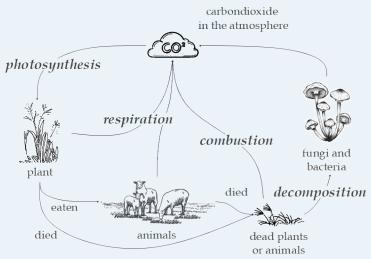


图 2:碳循环







BioPalgoe

1.3 文献评论

真菌在有限的生态系统和生物多样性中的突出作用已被广泛认可。此外,还进行了大量的真菌实验。尤其是主流的分析方法是基于其特性[2-6]。

McGill等人(2006年)证实,社区内基于特征的方法需要考虑相互作用环境(生物相互作用)[2]。尼基•卢斯滕豪斯、丹尼尔•梅纳德和马克

A. Bradford (2020)探索了大量不同的真菌特征及其对木材装饰位置的影响。他们还发现,生长速度较慢的真菌倾向于在湿度和温度等环境变化下更好地生存和生长,而生长速度较快的群体对同样的变化往往不那么健壮[3]。因此,在某种程度上,菌丝延伸

速率可以代表真菌的生长速率。此外,根据范德瓦尔斯的研究,木材水分含量和真菌群落的物种丰富 度

弹药是老树桩质量损失的最佳预测因子[7]。此外,从 Schimel, j.的研究来看,保持水势对于通过基质扩散来保持土壤压力和养分至关重要[8]。

1.4 真菌种群竞争模型

将 a、b 和 c 的最大数量分别设置为N1、N2和N3。由于多真菌群落对空间和养分的竞争,单个类群的繁殖会受到其他类群的影响。此外,单个真菌群的生长速度会随着单个真菌群数量的增加而下降。因此,我们得到真菌种群竞争模型:

其中, σ 21表示 b 组单位量消耗的木质纤维质量 (与N2相比)和 a 组单位量消耗的质量 (与N1相比)之间的相对比率,b 组最初用于喂养 a 组。换句话说,如果 σ 21 < 1,当b 组和 a 组争夺食物时,他们的竞争力就不如 a 组。同样,其他人也有同样的规则。此外,

 $\sigma_{21}\sigma_{12} \leq 1, \ \sigma_{22}\sigma_{22} \leq 1$

1.4 生物多样性的意义

多物种群落对环境波动的反应可表现如下:

88 07 100 150

有图 (a) 与图 3 (b) 进行比较,我们可以发现它们是相似的,只是图 3 (b) 中的变化幅度更为显著。在这种情况下,多物种群落对温度波动比湿度变化更

湿气

温度

图 3:环境波动

群落更倾向于生存。

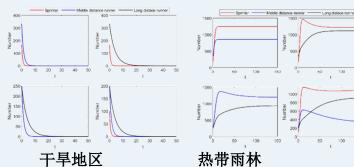


图 4:不同气候下的趋势

高级生物学

$$\begin{split} \frac{dn_1(\tau)}{d\tau} &= H_1 n_1 \bigg(1 - \frac{n_1}{N_1} - \sigma_{21} \frac{n_2}{N_2} - \sigma_{31} \frac{n_3}{N_3} \bigg) \\ \frac{dn_2(\tau)}{d\tau} &= H_2 n_2 \bigg(1 - \frac{n_2}{N_2} - \sigma_{12} \frac{n_1}{N_1} - \sigma_{32} \frac{n_3}{N_3} \bigg) \end{split}$$

$$\frac{dn_3(\tau)}{d\tau} = H_3 n_3 \left(1 - \frac{n_3}{N_3} - \sigma_{13} \frac{n_1}{N_1} - \sigma_{23} \frac{n_2}{N_2} \right)$$



Toom # Page 24 of

参考

[1] "真菌"网址:https://slideplayer.com/slide/14032480/(第 22 页图 29.5b)

[2]麦吉尔、恩奎斯特、韦赫和韦斯特比(2006)。从功能特征重建社区生态。趋势生态。Evol。21, 178-185.doi: 10.1016/j.tree.2006.02.002

[3] Nicky Lustenhouwer, Daniel S. Maynard, Mark A. Bradford, Daniel L.林德纳, Brad Oberle, Amy E. Zanne 和 Thomas W.克罗泽, "基于特征的真菌对木材分解的理解",《美国国家科学院院刊》,2020年5月13日。

[4]解开真菌生态位:基于特征的方法微生物学前沿5(2014):579。

阿吉拉尔-特里格洛斯、鲍威尔、安德森、安东诺维奇和里里格

[5]C. (2014). 利用基于性状的方法对根侵染真菌的生态学理解。趋势植物科学。19,432-438. doi:10.1016/j. tplants. 2014.02.006

[6]格林, J. P. (1977年)。植物中存在三种主要策略的证据及其与生态学和进化理论的相关性。Am。纳特。111, 1169-1194.doi: 10.1086/283244

[7] 范德瓦尔斯、安内米耶克、奥托森和德布尔。"真菌群落组成在解释木材腐烂率变化中被忽视的作用。"生态学 96.1 (2015): 124-133。

[8] Schimel, t. Balser 和 m. Wallenstein(2007年)。微生物应激反应生理学及其对生态系统功能的影响。生态学 88. 1386 1384 Ldoi: 10.1890/06-0219

[9]水分和温度对某些真菌生长的子类项的影响储量品研究杂志 5.2 (1969): 127-141。

[10] 丹尼尔·梅纳德等: "跨大空间尺度真菌性状表达的一致权衡。"自然微生物学 4.5(2019): 846-853。

[11] 维基百科贡献者。"干旱。"维基百科,免费百科全书。维基百科,免费百科全书,2020年10月27日。网络。2021年2月8日。

[12] 维基百科贡献者。"半干旱气候。"维基百科,免费百科全书。维基百科,免费百科全书,2021年1月30日。网络。2021年2月8日。

[13] 维基百科贡献者。"温和的气候。"维基百科,免费百科全书。维基百科,免费百科,2021年1月29日。网络。2021年2月8日。

[14]维基百科贡献者。"热带和亚热带湿润阔叶林."维基百科,免费百科全书。维基百科,免费百科-

dia, 2021年1月11日。网络。2021年2月8日。

[15] 维基百科贡献者。"热带雨林。"维基百科,免费百科全书。维基百科,免费百科,2021年1月3日。网络。2021年2月8日。

Toom # Page 25 of

附录

```
附录1

介绍:解微分方程

clear, cl

c全球 w v

w =零(3, 1); w(1)= 1.488; w(2)= 1.75; w(3)= 3.19;

v =零(3, 1); v(1)= 17.82; v(2)= 15.32; v(3)= 19.9;

w = w/sum(w); v = v/sum(v); w = w'; v =

v'; wa =-0.2; T = 26

[t, x] = ode45(@(t, x)func(t, x, wa, T), [0 150], [100 200 200]);

附录2

介绍:用于解微分方程的函数

函数 dx =

func(t, x, wa, T)全局

w v

dx =零(3, 1);

H1 = 0.8; H2 = 0.4; H3 = 0.2;
```

u = 水(wa); y = 温度(T); σ = k1 * u *(1-w)+k2 * y *(1-v);

N1 = 2000年; N2 = 2000年; N3 = 2000年;

dx(1) = H1*x(1)*(1 - x(1公)/N1 众-西格姆号 a21*x(2)/N2 -西格玛 31*x(3)/N3 -西格玛(1));

dx(2) = H2*x(2)*(1 - x(2)/N2 - 西格玛 12*x(1)/N1 - 西格玛 32*x(3)/N3 - 西格玛(2));

dx(3) = H3*x(3)*(1 - x(3)/N3 - 西格玛 13*x(1)/N1 - 西格玛 23*x(2)/N2 - 西格玛 (3));目标

附录3

介绍:温度的正向控制区间指标

```
函数 y = temp(x)a

= 22; b = 32

temp _ min = 0; temp _ max = 50

M =最大值(a-temp_min, temp _ max-b); 如果 x<a

y = (a-

x)/M; elseif

x>b

y = (x-b)/M;

其他

y = 0;

目标
```