

# 游戏:基于高斯模型的真菌生存策略和生物多样性的预言者

## 摘要

真菌分解有机物是碳循环中不可缺少的一部分,可以使碳在环境中得到再利用。最近的一篇文章探讨了不同性状对其分解效率的影响。本文围绕菌丝延伸速率和耐湿性这两个主要性状,以及真菌与各种环境条件之间的相互作用,模拟木质纤维的分解,理解生物多样性的

重要性。我们的游戏模型由四个任务名称的首字母组成。在开始实验之前,我们建立了一个预测模型来模拟不同真菌之间的交叉作用及其对木质纤维分解过程的影响。我们采用高斯的补偿模型揭示了物种间的相互作用,并通过考虑木质纤维数量的变化导出了一个微分系统。该模型描述了真菌的生长、菌丝张力、竞争和分解。

首先,为了简化模型,我们固定温度  $T = 22^\circ\text{C}$ ,人工设定3种不同真菌的性状参数。实验结果表明,由于预测分解率接近30%,该模型具有较高的合理性,与已验证的研究结果接近。

其次,我们选择了5种具有代表性的真菌作为实验对象,分别是黄孢原毛霉(*P. Flavidoalba. S.*)、哈迪奇(*p. hartigii. n.*)、吸虫(*M. Tremellosus. N.*)、桑吉奥尼(*P. Sangioneus. S.*)和刚毛藻(*H. Setigerum. N.*)。在描述了它们的典型特性后,我们引入了用于校准的水分/温度容差因子。基于所提出的模型,我们发现由于其在水分方面的一般优势,物种黄褐指藻在哥伦布(温带)的短期(7天)和长期(122天)中始终占优势。此外,快速波动实验表明,那些对环境适应良好的人将占优势。

第三,我们选择了五个城市,圣达菲(干旱)、苏福尔斯(半干旱)、哥伦布(温带)、亚特兰大(树栖)和科达亚(雨林),并对上一步做了同样的预测。结果表明,除主导真菌黄单胞菌外,其他物种的密度均逐渐降低,但从未趋于0。此外,*P. Flavidoalba. S.*、*P. Sangioneus. S.*、*M. Tremellosus. N.*将在热带雨林中进行持续的竞争,因为它们在这种环境中具有独特的优势。在一定程度上,温度和水分越高,分解速率越好。

第四,我们通过改变真菌的数量来探索系统的分解效率,发现它们实际上在各个方面都是正相关的。此外,与干旱地区相比,热带雨林气候相对稳定,对生物多样性的要求也更高。

建模后,我们还进行了敏感性分析,这显示了我们的模型对某些参数的稳健性。我们最后总结了我们的优势和劣势。文中还作了简要的总结。

关键词:分解率,多环境,高斯模型,生物多样性

# 游戏: 基于高斯模型的真菌生存策略和生物多样性的预言者

2021 年 2 月 9 日

## 内容

<b>1</b>	<b>介绍</b>	<b>3</b>
1.1	背景。 . . . . .	3
1.2	我们的工作。 . . . . .	3
1.3	数据预处理。 . . . . .	5
<b>2</b>	<b>Assumptions</b>	<b>5</b>
<b>3</b>	<b>Abbreviation 定义和</b>	<b>6</b>
<b>4</b>	<b>The GAME Model</b>	
4.1	Gause' s Model for Predicting Fungus' Decomposition of Woody Fibers . . . . .	7
	4.1.1 Model Description . . . . .	7
	4.1.2 Implementation . . . . .	8
4.2	Antagonism Effect and Stability	10
	4.2.1 Background of This Problem	10
	4.2.2 Moisture Tolerance Analysis	12
	4.2.3 Methods to Analyze Antagonism Effect	12
	4.2.4 Implementation	13
4.3	Multi-environment Experiment for Revealing Habitats	14
4.4	Efficiency, Robustness, and Biodiversity	17
<b>5</b>	<b>Sensitivity Analysis</b>	<b>18</b>
<b>6</b>	<b>Strengths and Weaknesses</b>	<b>19</b>
6.1	Strengths	19
6.2	Weaknesses. . . . .	20

校苑数模七

公众号

---

**7 Conclusion**

20

## Appendices

24

# 1 介绍

## 1.1 背景

碳循环是使地球能够维持生命的生物地球化学循环的关键，碳通过碳循环在地球的生物圈、土壤层、地圈、水圈和大气层之间交换。碳循环的一部分包括光合作用、营养生长和分解，允许碳以其他形式更新和利用[1]。植物材料和木质纤维的分解是这一循环的关键组成部分。

真菌是一类真核生物，在分解木质纤维中起重要作用 [2, 3]。真菌在碳循环中的作用如图所示 1。

最近，一篇文章指出，不同性状的真菌对木材的分解率差异很大[4]。特别是，生长缓慢的菌株分解木质纤维的能力较低，但具有较高的耐湿性。相反，快速生长的菌株倾向于存在于更有利的环境中，这种环境具有更稳定的温度和湿度。

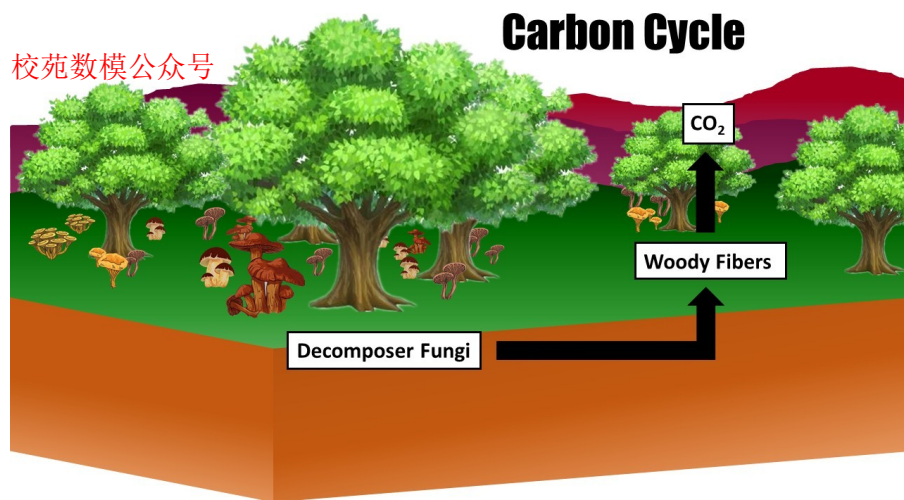


图 1: 真菌与碳循环

## 1.2 我们的工作

在这个问题上，真菌的生长速度和真菌对水分的耐受性是我们唯一考虑的两个特征。我们通过完成几项任务来评估生物多样性的重要性：

任务 1 我们要建立一个预测模型，以揭示真菌的进化以及它们对木质纤维的分解。

我们使用第节中提到的文章中的数据 1.1，进行对数-对数线性回归，确定分解曲线。然后利用高斯竞争模型进行预测。我们考虑了不同真菌的相互作用，并设计了一个 122 天的实验来验证我们的模型。

任务 2 我们对一个固定的区域进行短期和长期的刺激，以描述各种物种的竞争增长趋势。对快速波动天气也进行了探索，以全面展示该系统。

应用我们在任务 1 中建立的模型，我们首先选择五种典型的真菌，并在 [7]，我们获得了俄亥俄州哥伦布市从九月到十二月的温度和湿度数据。我们设定短期一周，长期 122 天。对于快速波动刺激，我们选择了新墨西哥州圣达菲的一个区段，并定期将其延长至 122 天，然后对预测结果进行分析。

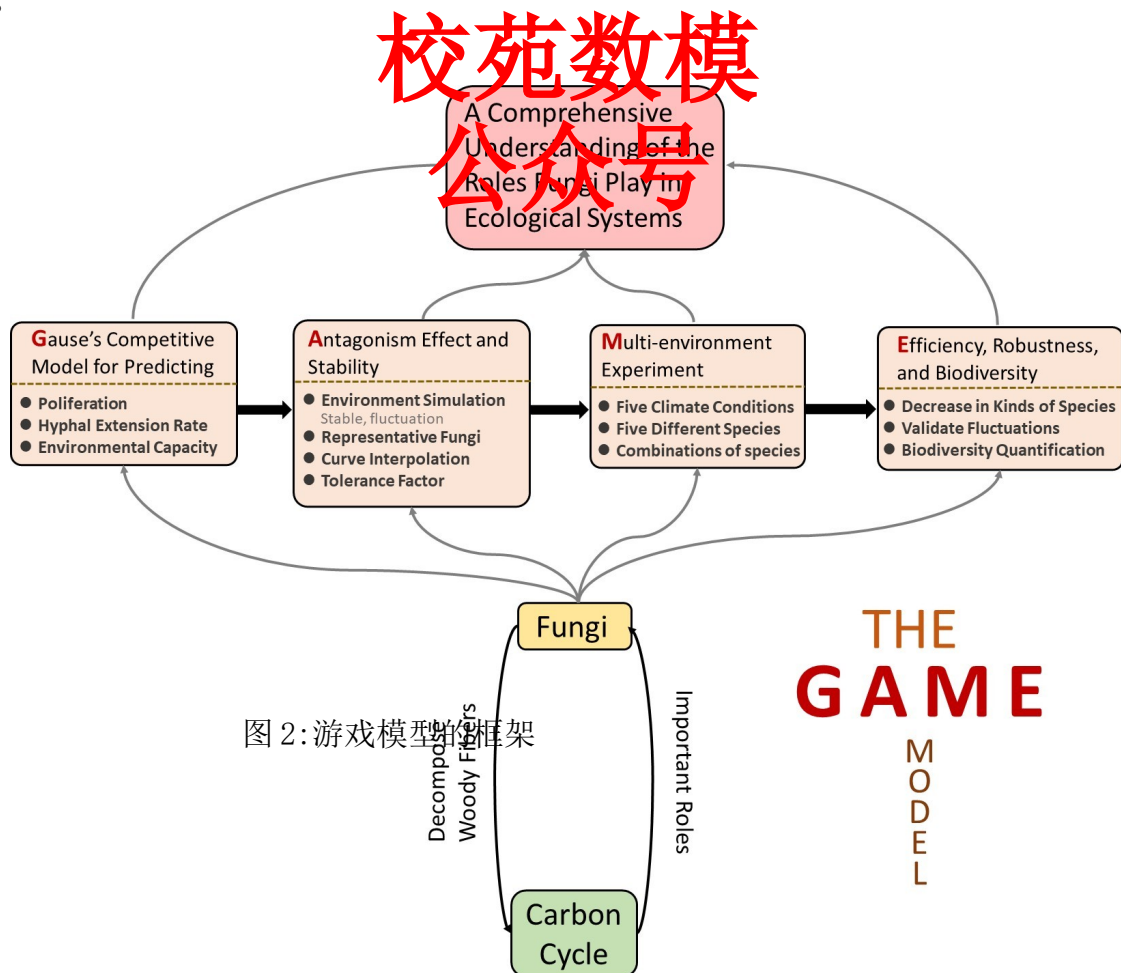
任务 3 为了探究每一种真菌的优点和缺点，我们进行了实验来描述长期和短期相互作用的动力学。为了实现通用性和完整性，还考虑了不同的环境。

首先，我们选择五个具有代表性的不同气候的城市，并展示它们的地理位置。然后我们在不同的环境下做类似的实验。通过对结果的详细对比和分析，我们得到了更全面的理解和结论。

任务 4 我们将考虑不同环境中生物多样性的影响，以及这些地区真菌多样性的要求。

以 122 天的分解率作为各种环境中生物多样性的指标，考虑 5 种、3 种和 2 种等总密度物种，并做相应的实验。然后，引入多样性下降影响率的概念来说明一个地区对生物多样性的需求程度。从中我们可以挖掘出一些结果供参考。

为了更好地理解整体模型，提供了一个流程图来描述我们的过程。



### 1.3 数据预处理

给定增长率，分解率的估计值如图所示 3, 每个三角形代表一个真菌分离物。

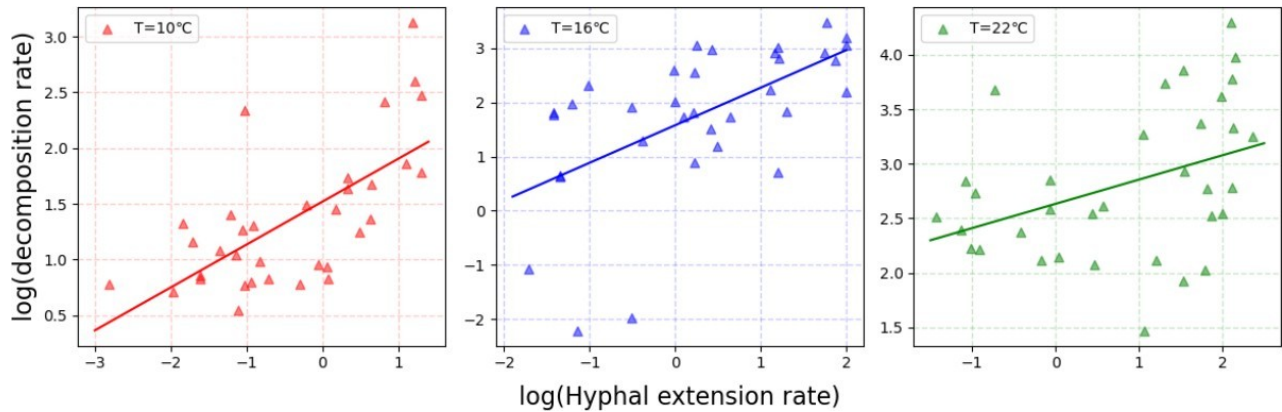


图 3: 各种温度 (10 °C, 16 °C, 22 °C) 下, 各种真菌菌丝延伸速率对数 (mm/天) 与分解速率对数 (122 天质量损失%) 的关系。

使用数据 [4] 由第节中提到的研究小组提供 [1]。对分解率的对数和扩展率的对数之间的关系进行最小二乘回归。结果见表 1。

表 1: 不同温度设置的参数估计

温度 环境	参数估计			
	斜率	截距	R-平方	P-值
10 摄氏度	0.3847	1.5190	0.4477	<0.0001
16 摄氏度	0.6930	1.5789	0.3464	0.0003
22 摄氏度	0.2225	2.6330	0.1568	0.0204

## 2 假设

为了简化问题，我们做出以下基本假设，每一个假设都是合理的。

- 假设 1: 在所有条件不变的情况下，某一真菌在腐烂循环中的分解速率是一致的。因此，我们以中间阶段的速率作为分解速率。  
 ↪ 根据第节提到的研究文章 1.1，所检测的真菌在它们的腐烂循环的中间与木质材料的腐烂最相关。因此，我们可以假定某种真菌的分解速率是一致的。
- 假设 2: 在所有条件一致的情况下，固有生长率与固有菌丝伸长率呈正相关。



定理: 由于固有生长率和固有菌丝延伸率都是由菌丝的生长驱动的, 我们可以假设存在正相关。

- 假设 3: 所有真菌共享一个共同的环境容量。  
贾丝汀: 对于模型简化, 我们假设它们具有相等的环境容量, 因为在实验环境中它们是不能被区分的。
- 假设 4: 应忽略外部真菌的扩散。  
这里我们只考虑一个相对封闭的区域, 外部真菌很难在这个区域扩散, 这意味着每个物种的生长只取决于它的增殖率。
- 假设 5: 没有有影响力的人类活动。  
贾丝汀: 虽然我们的大部分数据来自大自然, 但我们设计的所有实验都是在实验室环境中进行的, 除了调节温度和湿度之外, 几乎没有人类活动。

### 3 缩写和定义

我们从定义本文中使用的术语(符号)列表开始, 参见表 2。

表 2: 命名

符号	定义	单位
$T(t)$	真菌生长的温度	$^{\circ}\text{C}$
$\phi(t)$	真菌生长处的相对湿度/木质纤维的相对密度	/
$V(t)$	第一真菌的密度	$\text{g}/\text{m}^2$
$Fi(t)$	第一真菌的菌丝长度	毫米/天
$li(t)$	第 I 种真菌的固有生长率 $g/(\text{m}^2 \cdot \text{天})$	
$mi(T, \phi)$	第 I 真菌的固有菌丝延伸速率	毫米/天
$cij(T, \phi)$	物种 I 对物种 j 的相对竞争力	/
$K$	第一真菌的环境能力	$\text{g}/\text{m}^2$
$p$	理解能力	$\text{g}/\text{m}^2$
$i^2(T)$	生长-菌丝延伸比	/
$i(\phi)$	水分控制的相对菌丝延伸速率	毫米/天
$D^j$	对于第一种真菌	
$G(\phi)$	温控相对菌丝延伸速率	毫米/天
$D^j$	j-th 地区 I 真菌 122 天分解率/耐湿性因子	/
$G(\phi)$	第 j 区域的多样性影响率降低/	

## 4 博弈模型

现在，我们将详细说明我们的模型。

### 4.1 预测真菌分解木质纤维的高斯模型

在这一部分，我们应用高斯竞争模型，用有限差分法进行预测。

#### 4.1.1 模型描述

为了预测未来不同种类真菌的分布，以及分解的效率，我们在高斯竞争模型的基础上构建了一个描述种群竞争的微分方程模型[5]。这里，我们分别用  $t$  表示时间指示器，用  $T(t)$ ， $\phi(t)$  表示温度和湿度。

设  $V(t)$  为木质纤维的密度， $F_i(t)$ ， $l_i(t)$  分别为第  $i$  种真菌的密度和菌丝长度， $i = 1, 2, \dots, s$ 。根据评估生物多样性重要性的要求，我们假设没有新产生的木质纤维，以量化真菌分解的木质纤维。也就是说，木质纤维的总重量损失等于分解量。 $V$  的变化是由每一个 fungus 的分解活动组成的，分解活动与其延伸速率和总物种密度有关。对于每一个种  $F_i$ ，其生长都将面临来自其他真菌的竞争压力。对于菌丝延伸速率  $l_i$ ，基于其固有的生长速率，它将影响

## 校苑数模

受到物种竞争的影响。sch公ematic众地图是号如图所示

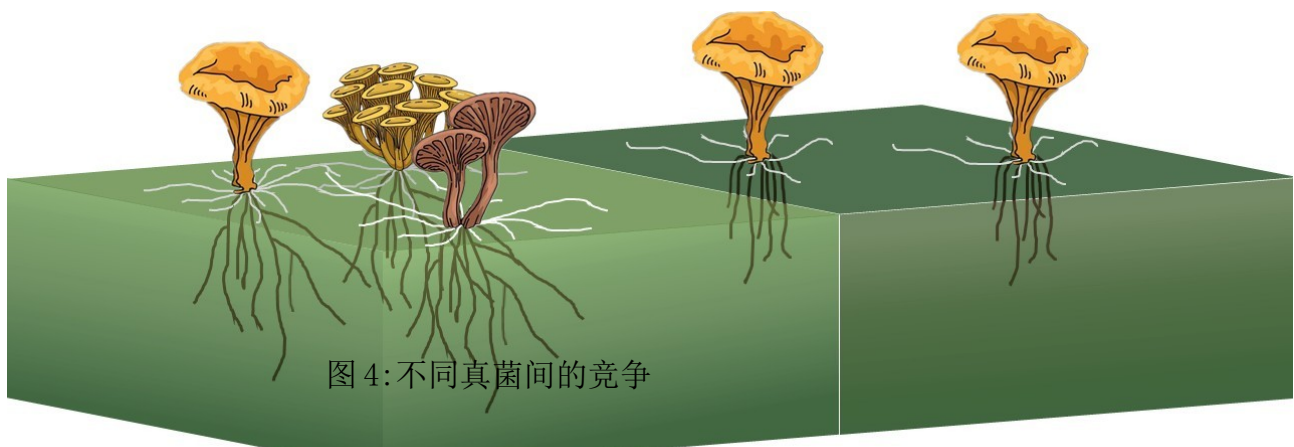


图 4: 不同真菌间的竞争

在左侧立方体(浅绿色)中，总物种密度较高。因此，它们的生殖菌丝相遇并相互作用。在右边的立方体(深绿色)中，由于总物种密度低，不存在竞争。



因此，用于预测的普通微分函数如下所示：

$$\begin{aligned}
 \frac{dV}{dt} &= \sum_{i=1}^s f_i(T, \phi, dt) v_i(1) - \frac{F_1 + F_2 + F_s}{k} \\
 \frac{dr_i}{dt} &= r_i(T, \phi) f_{i1}(c(t), \phi) f_{i2}(c(t), \phi) F_s, \quad i = 1, 2, s \\
 \frac{dm_i}{dt} &= m_i(T, \phi) (1 - \frac{f_1 + F_2 + f_s}{n_1}) - \frac{n_2}{n_1} \quad \text{纳秒} \\
 \text{(Delirium Tremens 的缩写)} \\
 \frac{d\phi}{dt} &= \frac{K}{i}
 \end{aligned} \tag{1}$$

在哪里

- $f_i(, , )$ : 分解率函数，由图确定3.
- $k$ : 真菌的综合环境容量。
- $r_i(, )$ : 每一物种的固有生长率，与温度和湿度有关。
- $n_i$ : 每种真菌的环境容量。
- $m_i(, )$ : 每个物种固有的菌丝延伸速率，与温度和湿度有关。
- $c_{ij}(e)$ : 物种的相对竞争力  $I$ 。更准确地说，我们已经

$$C = (c)_{ij \times s \times s} = \left( \begin{array}{c} c_1(T, \phi) - c_2(T, \phi) \\ c_3(T, \phi) - c_4(T, \phi) \\ \vdots \end{array} \right) \tag{2}$$

其中  $c_i(T, \phi) = \frac{mi(T, \phi)}{\sum_{j=1}^s mj(T, \phi)}$  是固有的竞争系数，负相关与  $m_i$  相关。

为了接近对物种和分解量的预测，我们需要一个数值方案来解释它们如何在短期和长期内进化。由于它是一个不含高阶项和高维网格的一阶常微分系统，我们将采用传统的有限差分法对该系统进行数值求解 [6]。我们能够在模拟环境中得到结果，这将在下一部分详细说明。

#### 4.1.2 实施

为了平衡计算效率和模拟装配，我们创造了三个代表性物种来模拟竞争环境，这三个代表性物种在固有菌丝延伸速率、固有生长速率和资源消耗速率上有很大差异。表中列出了各物种的属性和设定参数 3。本模拟实验中设置的其他参数见表 4。

表 3: 三种选择物种的属性和参数集

种类 数字	属性		参数集		
	容忍	优势	延展率	增长率	消耗率
一	高的	低的	1.5	0.1	1.2
2	中位数	中位数	4.5	0.3	1.1
3	低的	高的	10.5	0.7	1.0

1 增长率、增长率和消费率都是相对值。

表 4: 模拟实验中的其他参数

单个物种的环境容量	100
多种物种的环境容量	200
环境温度 22 摄氏度初始菌丝长度 1 毫米	
试验期 122 天	

在本实验中，我们假设温度和湿度对于三个物种的生长和繁殖都是一致和最佳的，也就是说，竞争力是我们考虑的唯一因素。真菌初始密度分别为：20(种 1)、15(种 2)、0.5(种 3)。模拟结果如图所示 5。

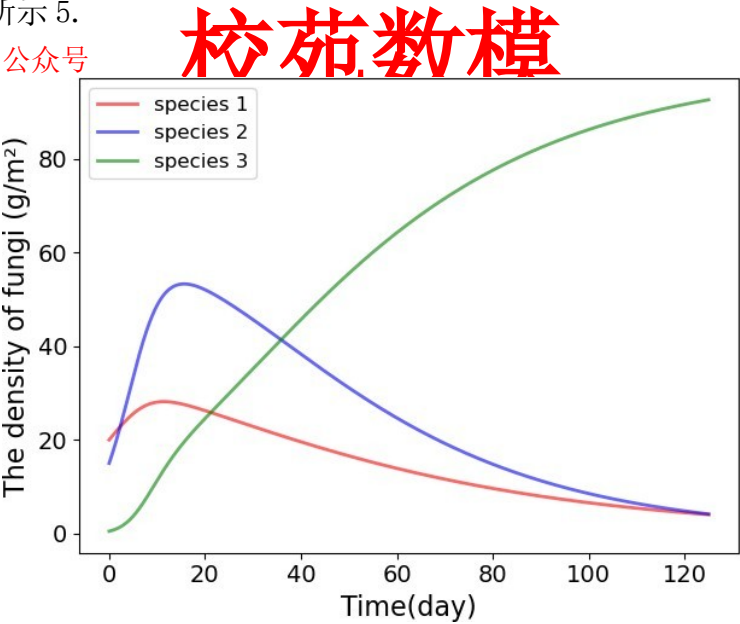


图 5: 真菌密度随时间的变化

通过分析上述图表中的变化趋势，我们可以得出以下重要结论：

- 虽然物种 3 在开始时密度很低，但随着时间的推移，其密度会迅速增加，并逐渐超过其他两个物种的高竞争力。
- 物种 1 和 2 的密度随着时间的推移而降低，尽管它们具有较大的初始密度。

- 如果环境保持一致，具有最高竞争力的物种将是唯一的赢家，但其他物种可能保持相对较低的密度，而不是完全灭绝。

数字 6 显示了三个物种的相对分解效率。数字 7 显示了木质纤维的相对密度。我们可以发现：分解效率随着时间的推移而降低，这说明物种间的竞争和种群数量的增加都有所贡献。在 0-15 天内，由于达不到平衡，下降速度很快。当其达到平衡时 (15-122 天)，下降速率变得慢得多。此外，我们还可以看到，在一个实验周期内，木质纤维的质量损失约为 30%，这与第节中提到的研究文章中的结果大致相当 1.1，进一步验证了我们模型的合理性。

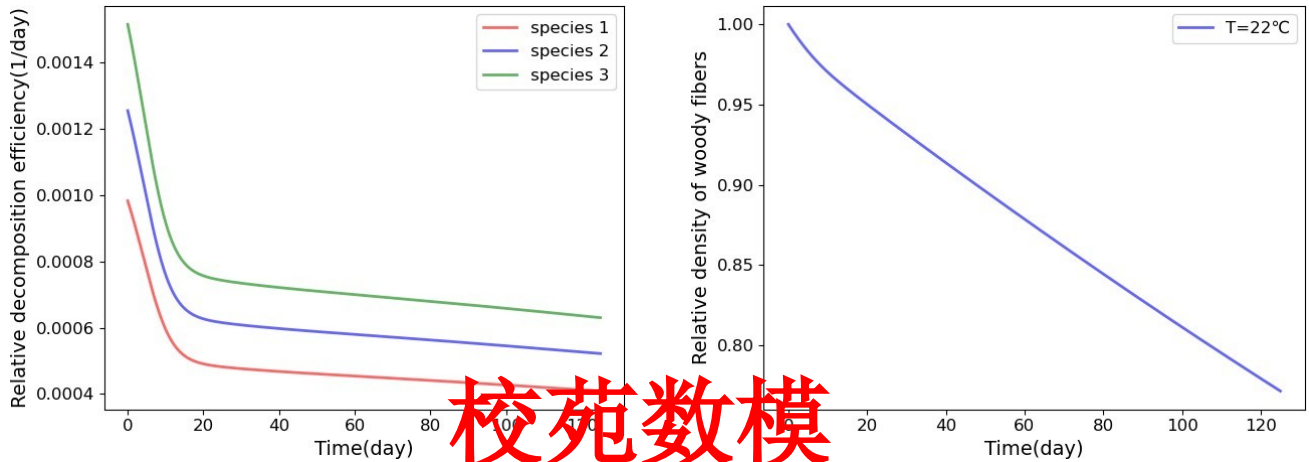


图 6:3 种物种随时间的相对分解效率

图 7: 不同时间木质纤维的相对密度

## 4.2 拮抗作用与稳定性

本部分选择温带环境作为实验环境，分析大气变化趋势对真菌生长模式的影响，评估当地天气模式的变化对木质纤维分解速率的影响。

### 4.2.1 这个问题的背景

为了更好的可读性和可分析性，我们将挑选 5 种典型物种，同时不丧失可推广性。下面列出了它们，以及它们在下图中的主要特征。所有关于真菌的数据都是从一篇关于真菌分解的研究文章中获得的[7]。数字 8 显示了温度改变的五种不同物种的菌丝延伸速率。数字 9 显示了通过水势改变的五种不同物种的菌丝延伸速率。各物种的优势和劣势如图所示 10。

- 本种在相当低的水势下具有维持菌丝延伸速率的能力。在干旱或半干旱地区检测到这一点的机会很大。
- 本种是弱势真菌的代表，菌丝延伸速率相对较低。然而，它可能耐受极端天气和快速

波动，可能从灾难中幸存下来。

- 本种对水势有很高的要求，因为当离开最佳水分时，它会迅速衰减。它存在的地方可能有相对稳定的气候。
- 本种菌丝延伸速率最高，最佳温度区间较高。热带地区可能是这种真菌的最佳栖息地。
- 本种在极端潮湿的地区能很好地繁殖，但不能耐受相对较高的温度。在水势足够大的地方，它可能是优势真菌。

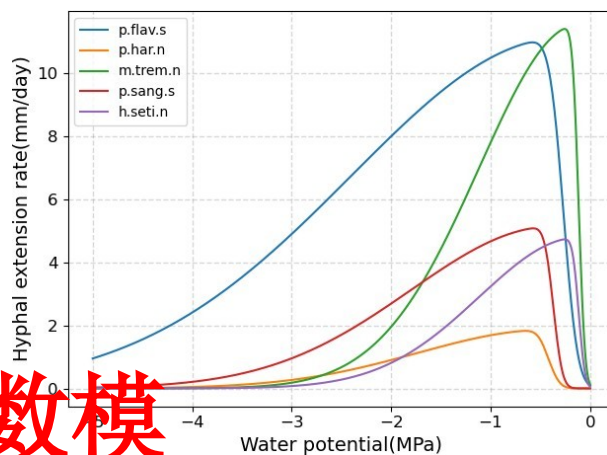
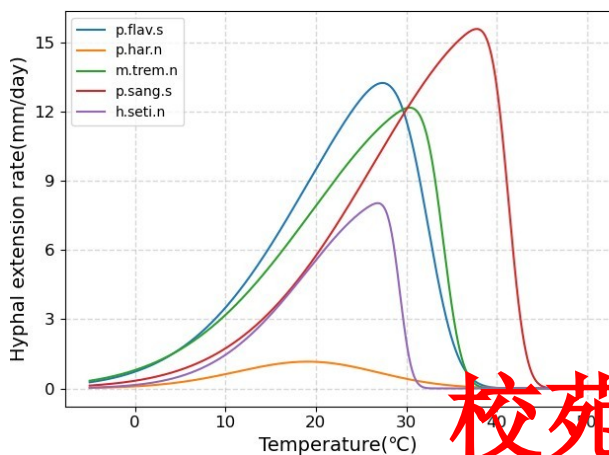


图 8: 5 种真菌菌丝延伸速率随温度的变化

图 9: 不同时间木质纤维的相对密度

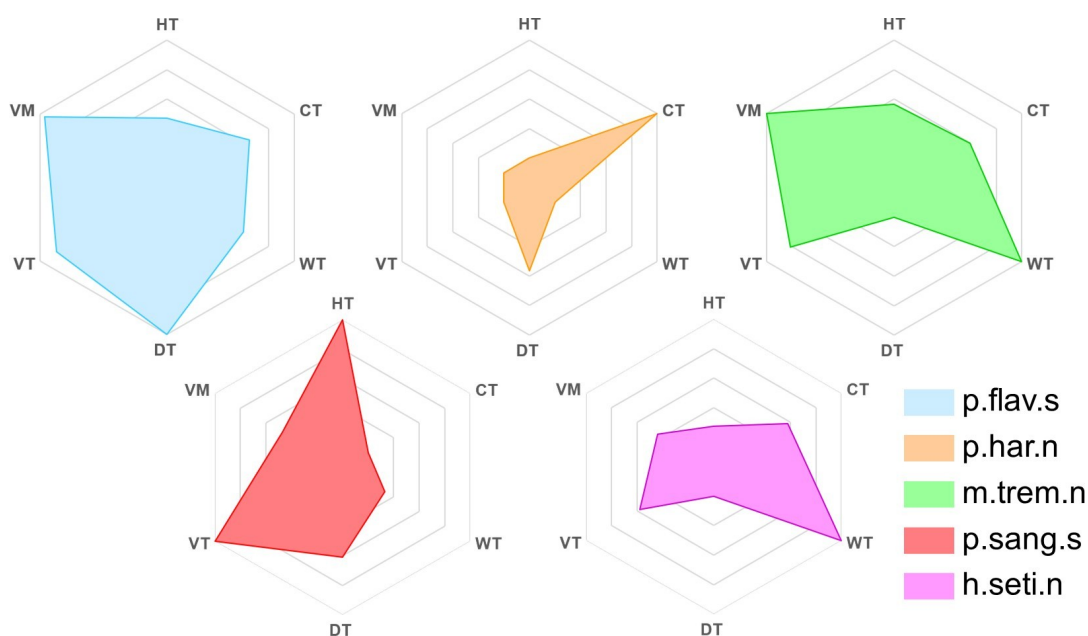


图 10: 各种真菌的能力值。(HT:耐热性, CT:耐寒性, WT:耐湿性, DT:耐旱性, VT:处于最佳温度时真菌的分解速率, VM:处于最佳湿度时真菌的分解速率)

在这个问题上，我们选择了俄亥俄州的哥伦布市作为我们的实验环境，它代表了温和的气候。所有的气候数据都是从 wunder- ground 网站获取的[8]。

Colum- bus 短期和长期气候趋势(包括温度和湿度)如图所示 11 图和 12.

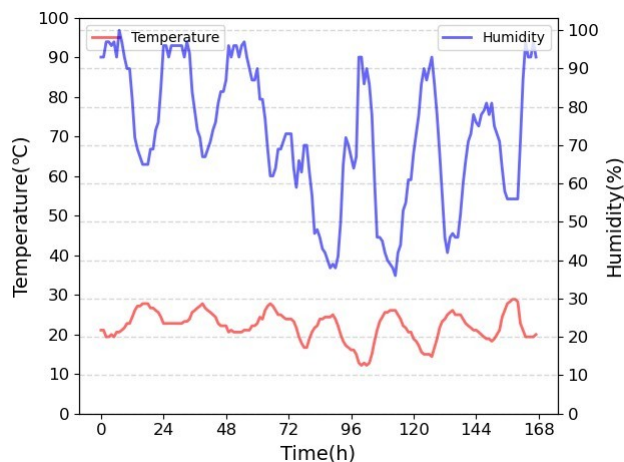


图 11: 哥伦布短期气候趋势: 9 月 1 日数据至 9 月 7 日, 每小时一次。

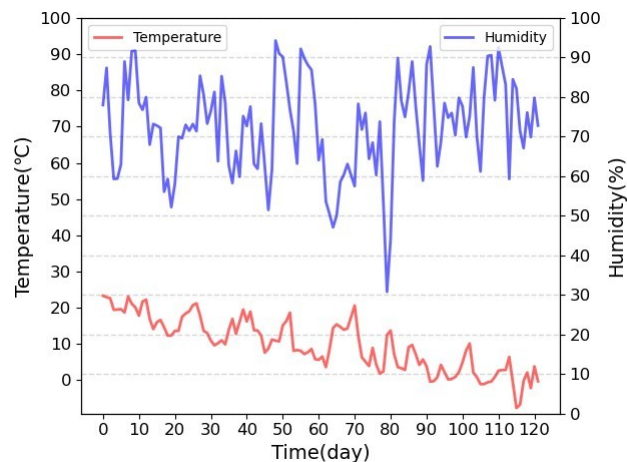


图 12: 哥伦布长期气候趋势: 9 月 1 日至 12 月 31 日按日间隔收集的数据。

#### 4.2.2 肛门耐湿性校分析苑数模

众所周知，如果一个真菌有一个相对较好的菌丝延伸速度，它会形成相对较差的水分或温度耐受性。以上 *m. trem. n* 和 *p. har. n* 就是很好的例子。

为了测量这一重要指标并探索对分解率的影响，我们引入了耐湿性因子  $G(\phi)$  来量化这一特性。假设  $i(\phi)$  是第  $I$  种真菌的水分控制的相对菌丝延伸速率(图 9)，然后我们定义  $G(\phi)$  为

$$G(\phi) = \frac{i(\phi)}{i(\phi_0)} \quad (3)$$

在哪  
里

$$\phi_0 = \underset{\phi \in [0, 100\%]}{\operatorname{Argmax}} i(\phi)$$

以  $G(\phi) = 50\%$  作为最佳含水量的标准，可以明显地计算出 *m. trem. n* 将具有比 *p. har. n* 更小的最佳含水量区间，这实际上可以反映这些物种的耐湿性。

同样，我们可以确定  $H(T) = \frac{i(T)}{i(T_0)}$  是温度容差因子，它将在以后的预测中应用。

#### 4.2.3 拮抗作用的分析方法

为了得到菌丝伸展率与分解率之间的关系，我们用截面中  $10 \pm C$ ,  $16 \pm C$ ,  $22 \pm C$  的线性回归结果进行插值 1.3. 作为

16℃的趋势与其他两个温度有很大的偏差，我们只使用 10℃和 22℃的回归结果来做截距的线性插值。此外，为了达到更好的普适性，我们将斜率  $\lambda$  设置为 0.44，即  $\log(\text{几何平均分解率})$  在  $10^\circ\text{C}$ ， $16^\circ\text{C}$ ， $22^\circ\text{C} \propto \log(\text{菌丝延伸率})$  上的回归系数。

不同温度下分解率对菌丝延伸率的插值结果如图所示 13.

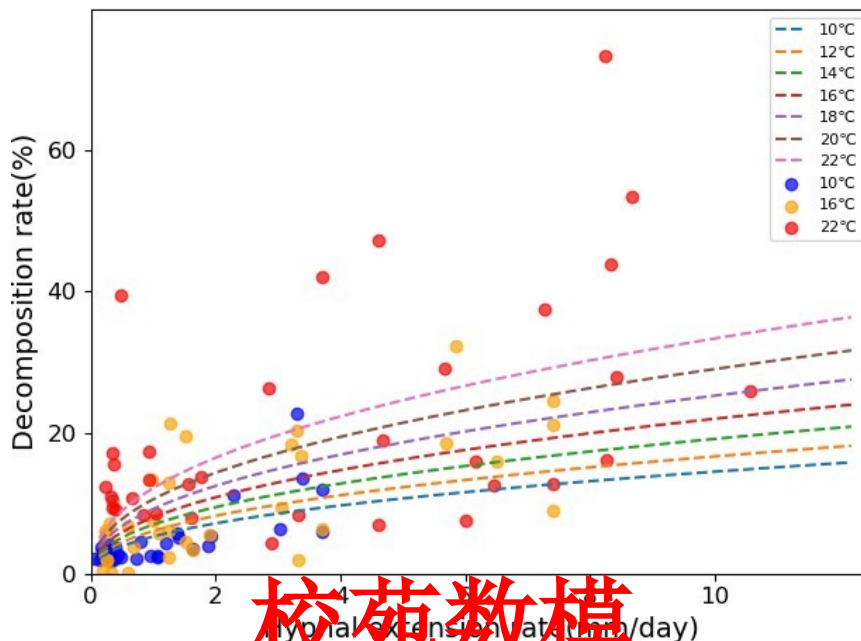


图 13: 插值结果

由于水势和湿度之间有很好的相关性[9], 我们通过从相对湿度到水势的线性映射来统一水势和相对湿度。较高的相对湿度代表较大的水势。

#### 4.2.4 实施

事实上，在接近结果之前，需要确定所有参数以及系数函数。首先，我们考虑固有的菌丝延伸速率  $m_i(T, \phi)$  作为产生最佳值乘以两个抑制因子。更准确地说，我们设定

$$m_i(T, \phi) = \frac{g(\phi)h(t)}{m_i} \quad (4)$$

在哪  
里

$$\frac{\text{大音阶的第三音}}{\text{世}(\phi_0)、\text{一世}(T_0)} = \max \quad (5)$$

然后，通过假设 2 中所述的生长速率和菌丝延伸速率之间的正相关，我们考虑  $r_i = p m_i$ ，其中  $p$  是重新缩放因子，我们最初将其设置为 0.2。这里，我们还假设每种真菌的环境容量  $n_i = 100$ ，综合环境容量  $K = 300$ ，因为物种竞争会对其产生影响。

然后，我们用初始物种密度模拟进化过程

$$[F_1(0), F_2(0), F_3(0), F_4(0), F_5(0)] = [1, 25, 5, 15, 10]g \text{ m}^{-2}$$



菌丝长度  $li(0) = 1 \text{ mm}$ 。采用附录中的 Python 代码 7，我们得出的进化数据如下图所示。

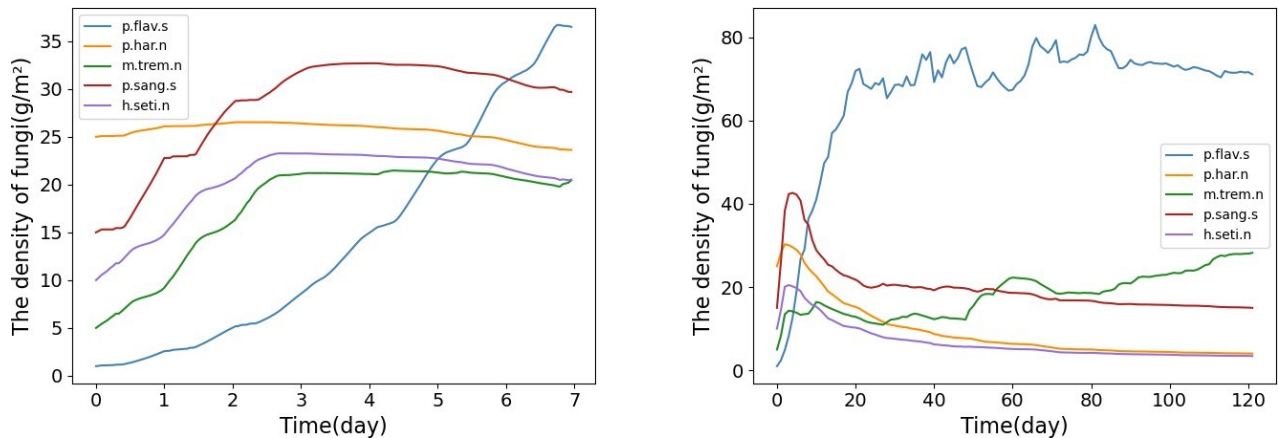


图 14: 短期真菌密度趋势图 15: 长期真菌密度趋势从以上曲线，我们能够分析不同真菌如何生

长和竞争彼此。一些有意义的结果细化如下：

- 尽管黄曲霉具有最低的初始密度，但它仍能以可见的速度占据优势，并最终成为唯一的赢家。这可以通过它在以下方面的总体优势来预测水分。
- 其他物种具有较高的初始密度，但仅在一个短的生长期后，它们将被黄曲霉所控制，但它们的数量将会减少而不是消失，这表明一旦环境发生某些剧烈变化（如温度升高），它们可能会占优势。
- 分解速度变得越来越慢，因为温带地区的环境状况相对稳定，同时温度也在缓慢下降，因为我们得到的数据是从 9 月到 12 月。

由于温带环境相对温和，我们需要探索如果天气持续快速波动，演变将会如何。在这里，我们采用了新墨西哥州圣达菲干旱地区的部分数据，这些地区的数据在某些时期会出现快速波动。我们从 10 月 21 日至 11 月 9 日选择时间段，并定期将该时间段连续延长至 122 天。结果如图 1 所示 16 和 17。

这就在我们的常识上达成了一个共识：对于快速波动，只有那些适应性强的人才可能占优势。黄曲霉就是这种真菌，因为它在很宽的湿度范围内都能很好地发挥作用。不可忽视的是，温度的波动仍在中低范围内，可以预测，较高的温度波动会削弱黄曲霉的优势。

### 4.3 揭示栖息地的多环境实验

为了更全面地了解不同真菌之间的相互作用，我们在不同环境（包括长期干旱、半干旱、温带、树栖和热带雨林）中进行了与上一项任务类似的实验。我们选择的代表性城市如图所示 18。

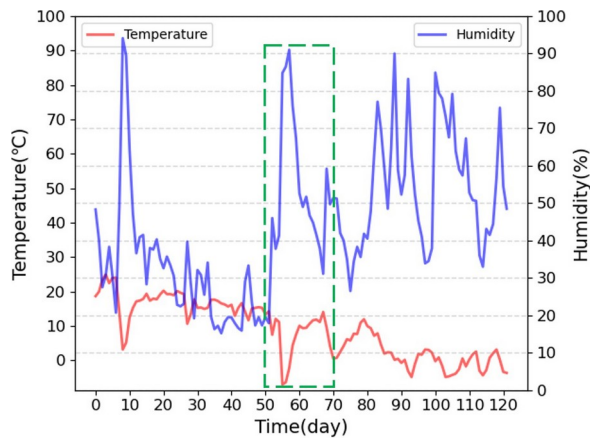


图 16: 圣达菲天气部分 (第 50 天至第 69 天)

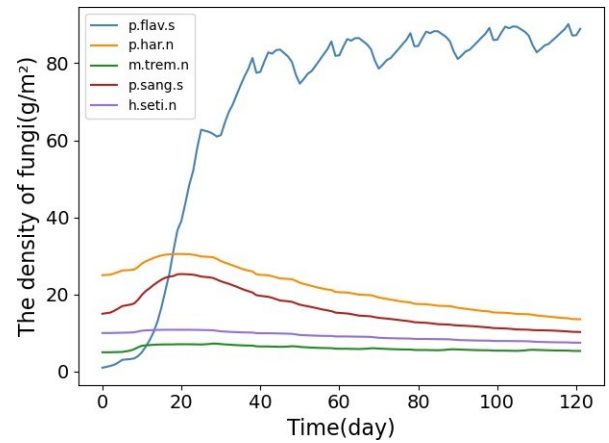


图 17: 快速流动状态下真菌的密度趋势



图 18: 代表性城市的位置

长期趋势中相互作用的动态如图所示 19. 我们可以得出以下结论:

- 物种 *p. flav. s* (蓝线) 由于其高竞争力而在生态系统中始终显示出优势, 这也符合雷达图 (图 10).
- 尽管其他物种的初始密度比黄鳍金枪鱼大, 但它们的数量逐渐减少。然而, 它们并没有灭绝, 而是在黄鳍金枪鱼的巨大压力下保持了一定数量的菌落。
- *P. har. n* (黄金线) 的竞争力较低。然而, 它能在干旱和半干旱环境中很好地生存, 因为它在寒冷和干燥的条件下表现良好。
- 尽管 *m. trem. n* (绿色系) 和 *h. seti. n* (紫色系) 的耐旱性较低, 但它们也能在干旱和半干旱地区生存, 感觉它们只是为了保护自己免受其他真菌的激烈竞争。
- 在热带雨林中, *p. flav. s* (蓝线)、*p. sang. s* (红线) 和 *m. trem. n* (绿线) 一直在竞争。尽管 *m. trem. n* 在耐旱性方面表现不佳, 但在这种情况下可以忽略这一弱点。对于 *p. sang. s* 来说, 其耐热性比 *p. flav. s* 好得多, 尽管其其他属性可能较差。我们可以发现 *p. sang. s* 和 *m. trem. n* 动摇了 *p. flav. s* 的优势地位。

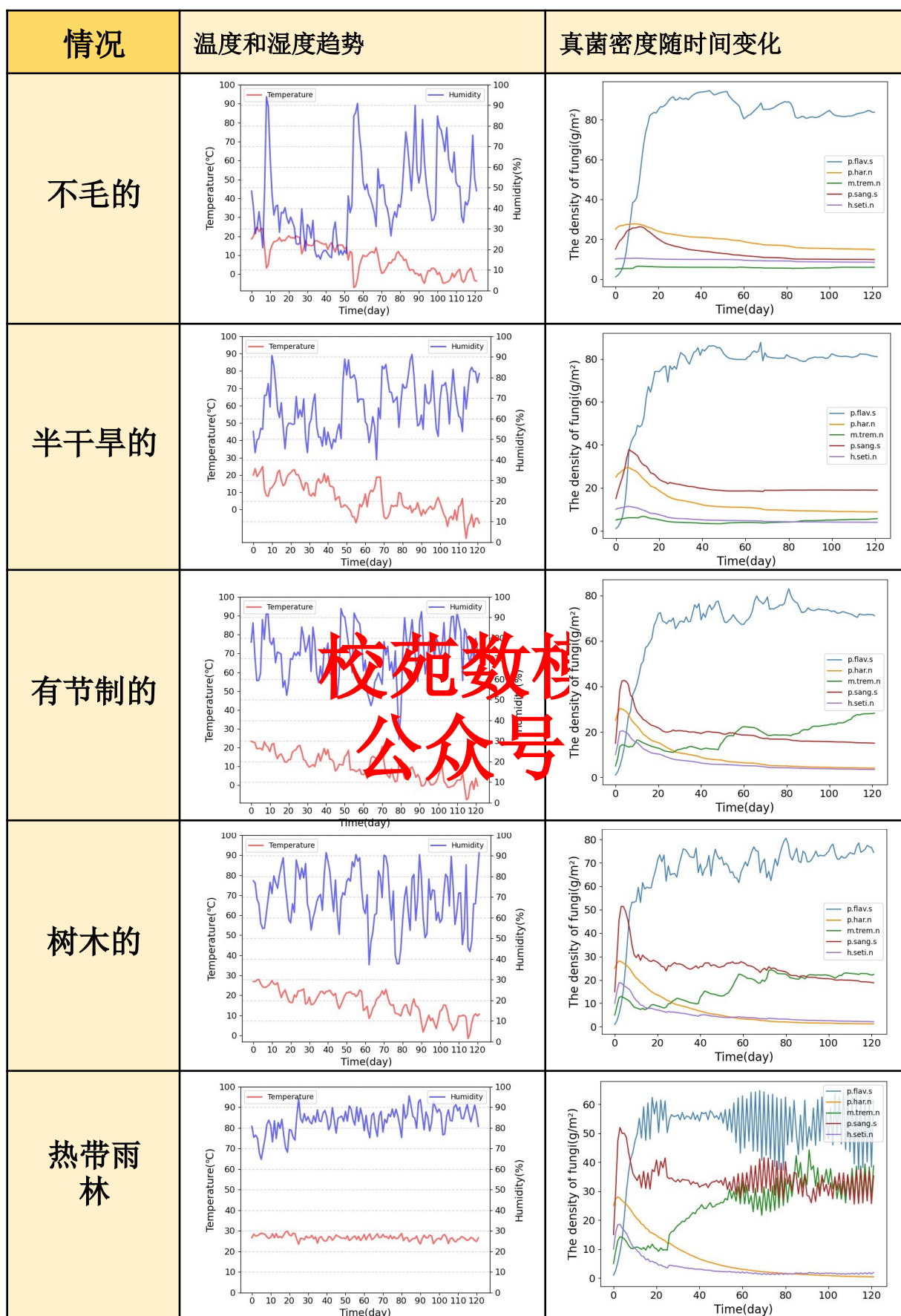


图 19 五种真菌在五种不同条件下的相互作用动态:左栏为一定区域内温度(红线)和湿度(蓝线)的趋势;右栏是真菌的密度随时间的变化,每种颜色代表着某一种真菌。蓝色:p.flav.s, 金色:p.har.n, 绿色:m.trem.n, 红色:p.sang.s, 紫色:h.seti.n

为了深入考虑不同环境的变化情况，我们提供了这五个地区短期和长期总分解量的对比图。根据我们的常识，在一定范围内，温度和湿度越高，分解效率越好，这是共识。

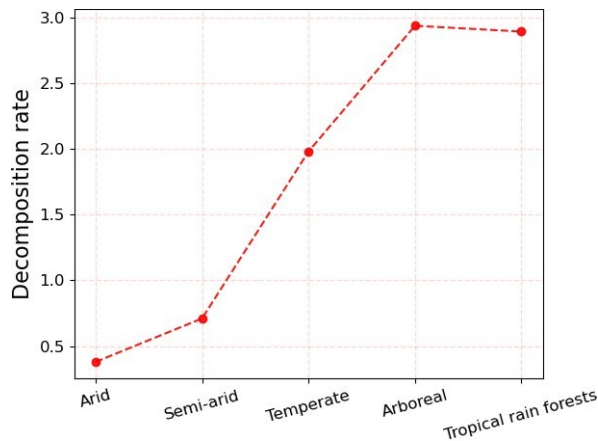


图 20:不同环境下的分解量(7 天)

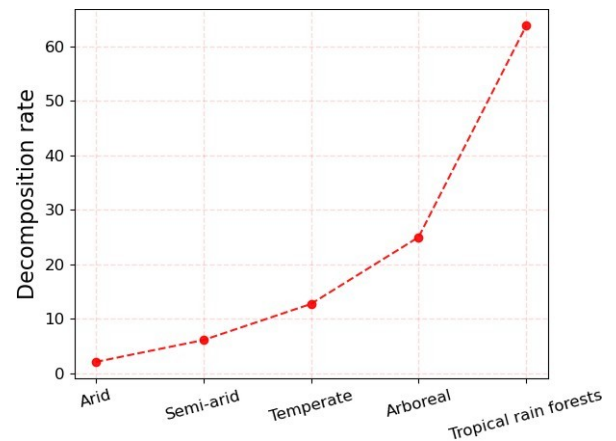


图 21:不同环境下的分解量(122 天)

#### 4.4 效率、稳健性和生物多样性

在这一部分，我们将探索宏观生物学中最有影响力的术语之一，生态系统中的生物多样性。众所周知，如果一个生态系统具有很强的稳健性，这种特性就会经常与丰富的生物多样性联系在一起。

在这里，我们愿意展示真菌多样性对生态系统分解地面垃圾和木质纤维效率的影响。首先，我们把热带雨林作为我们的实验环境。承诺真菌的总密度和每一个选择的密度比，我们开始选择前 3 和前 2 个物种在这种情况下进化。我们的模型给出了 122 天内分解量的预测，如下所示。

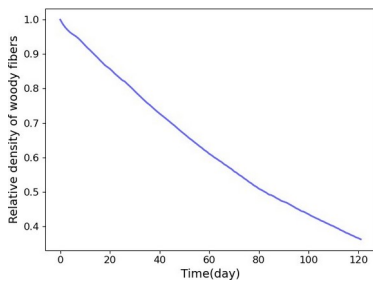


图 22 5 种真菌 122 天的分解量

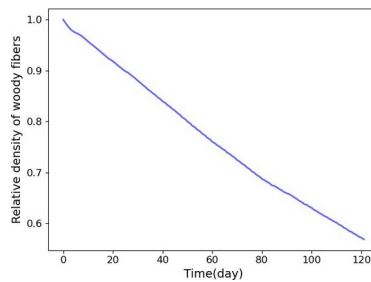


图 23:3 种真菌 122 天的分解量

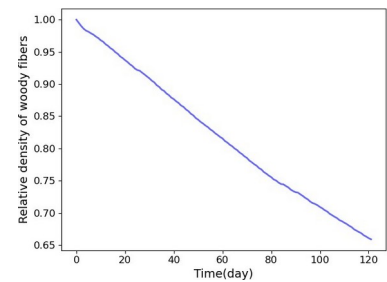


图 24 两种真菌 122 天的分解量

为了精确起见，我们提供了精确的消耗量百分比：

$$[D5_5, D5_3, D5_2] = [63.803\%, 43.116\%, 34.110\%]$$

随着真菌种类数量的减少，这一比例实际上正在下降。为了清晰和普遍，我们还在其他四种环境中进行实验，在其他条件下-



维护。图中给出了五个结果的对比图 25, 这证实了分解速率和真菌多样性之间的正相关。

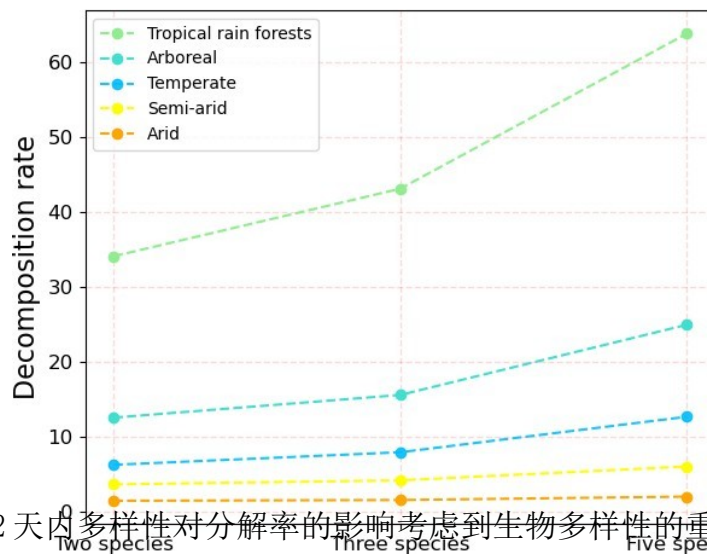


图 25:122 天内多样性对分解率的影响考虑到生物多样性的的重要性可以从环境中清

楚地看到

由于干旱区和热带雨林分别是高可变性和低可变性的两种典型环境，在不同的可变性程度下，我们设计并减少的影响率是下降的影响率的比较(见图 19)。 的表示

1 Di 公 Di 众 Di 号数据输入

(Data Input), (英)国防情报局

(Defence Intelligence), 密度

指示器 (Density Indicator)

$$Di - Di$$

通过计算，我们可以得到干旱的  $I1 = 18.405\%$ ，雨林  $I5 = 33.283\%$ 。这表明，在某种程度上，热带雨林需要比干旱地区更充足的生物多样性，因为前者有更稳定的生态系统，这需要更有效的真菌作为分解者发挥作用，以避免单一的统治者。

## 5 敏感性分析

在我们的模型中，我们引入了一些主观参数，这对于我们实验它们对这些参数的敏感性是必要的。

这里我们综合分析可能的不稳定因素，通常我们选择生长-菌丝延伸比  $p$  和共同环境容量  $n1 = n2 = ns =$

名词 (noun 的缩写) 比值  $p$  来源于生长速率与菌丝延伸速率正相关的假设, 初始值  $p = 0.2$ 。环境容量的初始值为 100, 具有很强的人工性。所以我们在这里取范围

$$p \in [0.05, 0.3], n \in [50, 175]$$

以验证我们模型的稳健性。我们设计了一个热图来解释这些参数如何影响总分解率, 我们实际上把它作为生物多样性的指标。值得一提的是, 我们在俄亥俄州的哥伦布市(温带)做了这个实验



从1号开始。9月31日。十二月。总计122天，综合环境容量K将永久按 $K = 3n$ 的比例增加。

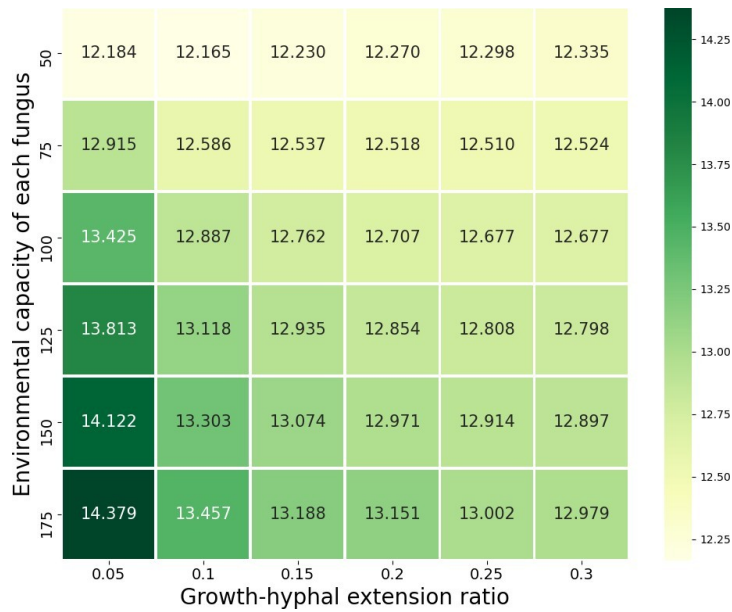


图 26:不同生长-菌丝延伸比  $p$  和环境容量  $n$  对应的分解量

从该图中，我们可以观察到，在其他参数和初始值不变的情况下，当比值  $p$  增加时，分解率将单调下降；当环境容量  $n$  增加时，分解率将单调增加。然而，一旦我们注意到增长/消失率正在下降到0，我们将有足够的理由推断，在一定的时间间隔内，它们将收敛到一个与  $p = 0.2$ ,  $n = 100$  驱动的分解率不远的值。

因此，在一定程度上，当考虑这两个参数变化时，我们的模型是稳健的。

## 6 优势和劣势

这里列出了我们的游戏模型的一些优点和缺点，以便更好地理解和应用。

### 6.1 强项

- 强烈的普遍性。我们的模型主要基于经典的高斯模型，该模型用于揭示物种之间是如何相互作用的，特别是对于真菌等微生物。事实上，我们也可以把它应用于一些相关的前提，比如不同物种的增殖、竞争以及互惠。也就是说，一旦我们获得了初始数据以及所有个人特征、环境参数以及它们在未来的演变方式，将会给出合理且稳健的预测。

- 精确的可解释性。结果表明，我们的模型表现良好，因为它符合我们的常识和生物学解释。此外，微生物领域的一些学术文章的结果也可以证明预测的结论是正确的，无论这些真菌物种生活在哪里。
- 高精度。由于真菌的竞争对外界环境非常敏感，特别是对于适时的温度和湿度的波动，我们的模型可以实现这种敏感性，这种敏感性可以快速反映在预测结果上。

## 6.2 弱点

- 拟合中的粗略决策。对于  $\log(\text{菌丝延伸率}) - \log(\text{分解率})$  曲线，从原始数据中，我们只能得到  $T = 10^\circ\text{C}$ ,  $T = 16^\circ\text{C}$ ,  $T = 22^\circ\text{C}$  的回归信息。我们选择对每个温度使用水平截距的线性插值，因为装饰率可能与温度正相关，但这确实可以更仔细地确定，如抛物线插值或样条插值。
- 竞争因素的简单指标。当建立这个模型时，我们认为竞争力  $c_i(T, \phi)$  是物种  $I$  的一个内在特征，对所有其他物种都是公平的。然而，面对不同种类的真菌时，相对优势可能会有所不同。

## 7 结论

# 校苑数模

在本文中，我们首先对温度和湿度等真菌的特征，以及对它们的衰退率的估计做了重要的预处理。然后，我们建立了我们的模型 GAME (高斯竞争模型、拮抗效应、多环境实验和效率)，以总结我们预测真菌进化博弈在面对不同环境时会变成什么样的工作，以及它们作为生物多样性指标的分解效率。在分析的推进过程中，我们通过高斯竞争模型和有限差分法给出了五种典型真菌在不同刺激环境下短期和长期的合理演化。此外，我们还分析了这些不同物种的菌丝延伸速度和水分含量，并推导和比较了它们在面对不同环境进行对应时的特殊优势和劣势。通过生物减少实验，我们比较了分解量，验证了生物多样性在自然界中的重要性。为了使我们的模型更加严格和精确，我们进行了敏感性分析，并讨论了它的优缺点以供参考。此外，还将为人们提供大学水平的生物学入门教科书，以了解真菌如何生长、竞争以及重要生物多样性的贡献。

# 1

# 真菌间的相互作用博弈与生态系统稳定性

## 概述

什么是真菌？

真菌在生态系统博弈模型中的作用  
——相互作用  
\生物多样性的的重要性

## 什么是真菌？

真菌是真核生物，能在体外消化食物。许多真菌都是腐皮，菜单显示它们像磨碎的垃圾和木质纤维一样从死亡的有机m.after中吸收营养。蘑菇、霉菌和酵母菌是最常见的真菌。单细胞酵母直接吸收养分，而多细胞真菌利用菌丝吸收养分。



常见真菌(酵母菌、蘑菇、霉菌)

研究人员发现真菌具有如下一些内在特征：

- *Decomposition rate varies among fungi which have different traits;*
- *Slow growing strains are less capable of decomposing woody fibers while has higher moisture tolerance, and vice versa.*

## 1.2 真菌在生态系统中的作用

分解真菌在碳循环中起着关键作用，碳循环是地球生物圈、土壤圈、水圈和大气之间的碳交换的生物地球化学过程。它参与分解木质纤维和植物材料，

并且影响分解速率

受许多因素如温度、湿度和不同种类真菌之间的相互作用的影响。

## 应用高斯竞争模型

描述人口竞争并分析不同天气条件的影响。模拟实验存在以下模式：

- 。ruJii<-h躺着吉姆•<'<anipefifir'rriess芬兰的fIi/或f<<>iiiprfe;
- 对 于 rnpid /b'f0nfiori<'ortrlifiorts(r ): Rb msfi<' rh<ui,\$•es在f@np@ nfure nnd增湿器中, t riii/th我们的adnpt RNA(roriix rrif arch Jin r ' e<hnttt'r FTS csfli I ' r:
- Sri rlijm-rnf <rrnfjfm- t ' t rijiffit ' ms, di o rn i sprt irs  
米尔•ox'<'opi/•f•特里因纳夫•posifi<>n.博士

## 博弈模型——互动

为了更全面地了解不同真菌之间的相互作用，我们设计了一个简单的实验“Game Model”。

Game模型分为四个步骤：

- 预测真菌的高斯模型
- 木质纤维的分解
- 拮抗作用与稳定性
- 揭示栖息地的多环境实验
- 效率、稳健性和生物多样性

假设一个生态系统中只有五种不同种类的真菌，它们都是具有完全不同属性的真菌的代表。有些品种在耐旱性方面表现较好，但生长速度和分解能力较慢



p .  
flav .  
s . p .  
har . n  
m .  
trem .  
n  
o . p . sang.  
s hsei . n

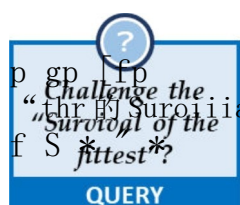
## 1.2 各物种战斗力

(HT:耐热性, CT:耐寒性, WT:耐湿性, DT:耐旱性, VT:处于最佳温度时真菌的分解速率, VM:处于最佳湿度时真菌的分解速率)

沉积速率，其他可能具有高的扩展速率，但对高湿度非常敏感。现在，这五个物种都是生存游戏的玩家。各物种的战斗力见图 1.2。

游戏场景设置在五种不同的条件下，即干旱、半干旱、温带、。乔木林和热带雨林。有一些有趣的现象：

- *p.flav.s* always shows predomi-  
fhr r(-ever/csfr>n dur f(I IFCS
- The species<sup>high</sup>  
competitiveness.
- Other weak species' population gradually decrease though they have larger initial density than *p.flav.s*. However, they are not extinct but maintain a certain amount of their colonies under the great pressure of *p.flav.s*.
- The species *p.har.n* was once deemed low competitiveness. However, it turns to be the tolerance ability.
- Although *m.trem.n* and *h.seti.n* have low drought tolerance, it can also survive in arid and semi-arid area, feeling that they just hid away to protect themselves from the fierce competition between other fungi.



似乎没有真正的强者和弱者，正如在不同的条件下，每一个物种

正在制定自己的策略以在激烈的竞争中生存。就像石头剪刀布一样，这三者之间没有竞争排名，唯一拯救生命的战术是战斗或毁灭。以剪刀为例，它有三种选择：与纸搏斗，避免碰到石头，或者躲起来。

同样，当一个物种被认为竞争力较低时，它可以躲避其他物种，或者干脆不伸出手来，呆在自己的家里，停止繁殖。自然法则也允许并鼓励低竞争力物种发展防御能力。

当更多的物种被添加到群落中时，所谓强者的竞争优势被削弱，为所谓弱者提供了更多的生存机会。

## %生物多样性的的重要性

从最后一节的生存游戏中，我们还可以发现：

- Richer biodiversity contributes to higher decomposition rate;
  - Tropical rain forest need a richer biodiversity system than arid region, reasoning that it requires more effective fungi to act as decomposers to avoid a singular disaster.
- 环境的微小变化会导致物种灭绝，比如基因漂移、不可预测的极端天气、人类活动或其他意外事件。

仅苑数  
6模0  
公众号  
40



### 1.3多样性对分解率的影响 (分解量以 122 天为单位)

从上图中，我们可以直观地感觉到，生物多样性的变化将极大地影响木质纤维的分解速率，从而影响碳循环的平衡。

总之，生物多样性的变化将影响分解过程的有效性和生态系统的稳定性。因此，我们必须保护濒危生态系统的多样性。只有保持足够的生物多样性，才能保证生态系统的稳定。我们未来的生活将得到保障

(章由团队 t2100454 编写)

## 参考

- [1] 布什和马丁, “气候变化和可再生能源:如何结束气候危机”, 第 109-141 页, 2020 年。
- [2] “为什么一些蘑菇可能对气候变化有魔力,” 时代周刊, 2014 年。
- [3] “真菌中孢子的扩散.”[在线]。可用:[www.botany.hawaii.edu](http://www.botany.hawaii.edu)。
- [4] 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》, 第 117 卷, 第 11 期, 第 551-11 页, 第 558 页, 2020 页。
- [5] G. F. Gause, “微生物实验种群”, 《生态学》, 第 18 卷, 第 173-179 页, 1937 年。
- [6] R. L. Burden 和 J. D. Faires, 数值分析。第五版。PWS 出版公司, 1988。
- [7] Daniel S. Maynard, Mark A. Bradford, Kristofer R. Covey, Daniel 林德纳, Jessie Glaeser, Douglas A. Talbert, Paul Joshua Tinker, Donald M. Walker 和 Thomas W . 克罗泽, “真菌性状表达在广泛空间尺度上的一致权衡”, 《自然微生物学》, 第 4 卷, 第 846-853 页, 2019 年。
- [8] “温度数据.”[在线]。可用:<https://www.wunderground.com/>
- [9] “水势与水分.”[在线]。可用:<https://www.metergroup.com/environment/articles/defining-water-potential/>

校苑数模  
公众号



# 附录

## 竞争模型的源代码

将 numpy 导入为 np

将 matplotlib.pyplot 导入为 plt

从数学导入 exp 导入 pandas 作为 pd

导入 Get\_菌丝\_率导入数据处理

真菌\_名称= ['p.flav.s ', 'p.har.n ', 'm.trem.n ', 'p.sang.s ', 'h.seti.n']

def lineartransform(x): #将水分转化为水势  $y = -5 + x / 20$   
返回格式(y, '.2f')

def f(菌丝\_率, 温度, 因子): #通过插值得到分解率  $\delta = (2.633 - 1.519) / 120$

a = int((温度-10)/0.1)\* $\delta$ +1.519

y = exp(a) \* (菌丝\_速率 \* (0.44)) \* 因子 / 100 / 122

返回 y

def get\_m(湿度、温度、真菌名称): # get\_生长-菌丝延伸比 water\_potential = linear transform(湿度)  
m, 因子 = Get\_菌丝\_速率. Get\_菌丝\_速率(真菌\_名称, 水势, 温度)

# get\_菌丝\_率: 在一定的水分和温度下获得菌丝延伸率

返回 m, 因子

$\delta\_t$ , s, t\_step = 1, 5, 122

f, D, l = NP . one((s, t\_step)), NP . one((s, t\_step-1)), NP . one((s, t\_step)) V = NP .

zero(t\_step)

V[0], K = 1, 300

F[:, 0] = np.array([1, 25, 5, 15, 10])

n = np.array([100, 100, 100, 100, 100])

t, H = data process . get\_longh(0)

对于范围内的 [t - t\_step-1]: 湿度 = H[t]

打印(I)

m, 因子 = get\_m(湿度、温度、真菌名称) r = np.diag(m/5)

c = [1-mi/np.sum(m)表示mi, 单位为m]

C = np.array([[1, c[0], c[0], c[0], c[0]],  
[c[1], 1, c[1], c[1], c[1]],  
[c[2], c[2], 1, c[2], c[2]],  
[c[3], c[3], c[3], 1, c[3]],  
[c[4], c[4], c[4], c[4], 1]])

向量= F[:, i]/n

B = np.diag(np.diag(r\*F[:, I])@ C

F[:, i+1] = F[:, i] + (r@F[:, I] - B @ vector) \*  $\delta\_t$

l[:, i+1] = l[:, I] +  $\delta\_t \times (1 - (NP . \text{sum}(F[:, I])) / K) * m . T$

D[:, i] = f((1 - (np.sum(F[:, I])) / K) \* m . T, 温度, 系数)

V[i+1] = V[i] + (-np.sum(D[:, I]) \*  $\delta\_t$  \* V[I] \* (1 - (NP . sum(F[:, I])) / K)

t = [I \*  $\delta\_t$  为 I 在范围内(t\_step)]

PLT . PLT(t, F[0:], c='steelblue', 标签='p.flav.s')

PLT . PLT(t, F[1:], c='深橙色', 标签='p.har.n')

PLT . PLT(t, F[2:], c='forestgreen', label='m.trem.n')

PLT . PLT(t, F[3:], c='耐火砖', 标签='p.sang.s')

PLT . PLT(t, F[4:], c='mediumpurple', label='h.seti.n') plt.xlabel("时间

(天)", fontsize=16)

plt.ylabel("真菌密度"+" "(g/m"<sup>2</sup>+"\u00b2"), font size = 16) PLT . tick\_params(label size = 14)

plt . 图例(fontsize=10)

plt.show()

PLT . PLT(t, V, c='b',  $\alpha$  = 0.6, 线宽=2) plt.xlabel("时间(天)", fontsize=14)

plt.ylabel("木质纤维的相对密度", font size = 14) PLT . tick\_params(label size = 12)

plt.show()

## 获取菌丝率的源代码

将 numpy 导入为 np

进口 pandas 作为 pd

将 matplotlib.pyplot 导入为 plt

def get\_name():



```

temp_dataset = pd.read_csv("真菌_temperature_曲. CSV")temp _
data = temp _ dataset . values
真菌_名称= np.unique(temp_data[:, 0])
返回真菌_名称

def get_temp(name_list, temp, temp_dataset): a = []
    对于范围内的I(len(name _ list)):
        slice = temp _ dataset[(temp _ dataset[' species ']= name _ list[I])
                                (temp _ dataset[' type ']= ' smooosed ')]slice 1 =
                                slice[slice[' temp _ c ']= float(temp)]a . append(slice 1[' 菌丝_速率']).
                                值[0])
    返回 np.array(a)

def get_moi(name_list, moi, moi_dataset): a = []
    对于范围内的I(len(name _ list)):
        slice = moi _ dataset[(moi _ dataset[' species ']= name _ list[I])
                                (moi _ dataset[' type ']= ' small ')]a . append(slice[slice[' matrix _
                                pot ']= float(moi)][' 菌丝_率']. 值[0])
    返回 np.array(a)

def get_moi_max(name_list, moi_dataset): a = []
    对于范围内的I(len(name _ list)):
        slice = moi _ dataset[(moi _ dataset[' species ']= name _ list[I])
                                (moi_dataset[' type ']= ' 平滑')]a . append(NP . max(NP . array(slice[' 菌
                                丝_率'])))
    返回 np.array(a)

def get_temp_max(name_list, temp_dataset): a = []
    对于范围内的I(len(name _ list)):
        slice = temp _ dataset[(temp _ dataset[' species ']= name _ list[I])
                                (temp_dataset[' type ']= ' 平滑')]a . append(NP . max(NP .
                                array(slice[' 菌丝_率'])))
    返回 np.array(a)

def get_菌丝_率(name_list, moi, temp):
    temp_dataset = pd.read_csv("真菌_温度_曲线. CSV")moi _ dataset = PD .
    read _ CSV("真菌_湿气_曲线. CSV")temp _ max = get _ temp _ max(name _
    list, temp_dataset)
    moi_max = get_moi_max(name_list, moi _ dataset)moi _ 菌丝_率 =
    get_moi(name_list, moi, moi _ dataset)temp _ 菌丝_率 =
    get_temp(name_list, temp, temp_dataset)

    max _ rate = NP . array([max(temp _ max[I], moi_max[i])对于I in range(len(temp _ max))])a = moi _
    菌丝_率/moi_max
    b = temp _ 菌丝_率/temp_max 菌丝_率=
    max _ 率*a*b 返回菌丝_率, a

真菌_名称= [' p.flav.s ', ' p.har.n ', ' m.trem.n ', ' p.sang.s ', ' h.seti.n' ] x =
np.linspace(0, -5, 501)
对于真菌_ names中的名称:
    moi_dataset = pd.read_csv("真菌_湿气_曲线. CSV")moi _ data = moi _
    dataset . values
    slice = moi _ dataset[(moi _ dataset[' species ']= name)&
                            (moi_dataset[' type ']= ' 平滑')] y =
    slice["菌丝_率"]. 值PLT . PLT(x, y, label=name)
    plt.yticks(np.linspace(0, 10, 6), fontsize=12)
    PLT . XT ticks(NP . Lin space(-5, 0, 6), fontsize=12) plt.ylabel("菌丝延伸
    速率(mm/天)", fontsize=14) plt.xlabel("水势(MPa)", font size = 14)PLT .
    grid(color = ' grey ', linestyle=' -', linewidth=1, alpha=0.3)

plt . 图例()plt.show()

x = np.linspace(-5, 50, 5501)
对于真菌_ names中的名称:
    moi_dataset = pd.read_csv("真菌_温度_曲线. CSV")moi _ data = moi _
    dataset . values
    slice = moi _ dataset[(moi _ dataset[' species ']= name)&
                            (moi_dataset[' type ']= ' 平滑')] y =
    slice["菌丝_率"]. 值PLT . PLT(x, y, label=name)
    plt.yticks(np.linspace(0, 15, 6), fontsize=12)
    PLT . XT ticks(NP . Lin space(0, 50, 6), fontsize=12) plt.ylabel("菌丝延伸
    速率(mm/天)", fontsize=14) plt.xlabel("温度()", font size = 14)PLT .
    grid(color = ' grey ', linestyle=' -', linewidth=1, alpha=0.3)

plt . 图例()plt.show()

```