

МНОГОМОДЕЛЬНЫЙ ПОДХОД К ИССЛЕДОВАНИЮ ВОДНЫХ ЭКОСИСТЕМ

© 2009 А.И. Абакумов, Е.Е. Гиричева

¹ Институт автоматизации и процессов управления ДВО РАН, г. Владивосток;
e-mail: abakumov@iacp.dvo.ru, zhenya77@yandex.ru

Для качественного математического моделирования водных экосистем предлагается использовать многомодельный подход и замкнутые модели. Под замкнутыми понимаются модели, в которых экосистема описывается замкнутой по характеристикам своего состояния. Изучив свойства более простых замкнутых моделей, переходим к незамкнутым моделям, с максимально возможной адекватностью описывающим водную экосистему. При многомодельном подходе разные модели одной и той же экосистемы связываем условиями согласованности. Согласованность двух моделей означает, что их параметры связаны условием наибольшей возможной близости решений. Представлена реализация для экосистемы Берингова моря.

Ключевые слова: водная экологическая система, трофические взаимоотношения, математическая модель, дифференциальное уравнение.

ВВЕДЕНИЕ

Одним из основных способов макроописания водных экосистем является анализ структуры и величин потоков вещества и/или энергии. Такое описание можно представить в виде ориентированного графа потоков вещества и/или энергии между блоками системы. Далее для определенности будем говорить о веществе. Блоки системы – это сообщества близких видов или совокупности близких по свойствам веществ. Дуги графа указывают на переходы вещества вследствие жизнедеятельности организмов или физико-химических превращений вещества [2]. Традиционно рассматривается трофическая структура экосистем и сообществ. Степень детализации моделей может быть различной, необходимо остановиться на разумном уровне, так как, например, фито-, зоо-, бактериопланктон состоит из сотен видов.

Наш способ моделирования состоит в следующем.

Во-первых, сначала идеализируем экосистему, рассматривая ее как замкнутую. Под замкнутой будем понимать экосистему, через границы которой вещество не перемещается. Модели для замкнутых экосистем будем также называть замкнутыми. Замкнутые модели изучать проще, чем незамкнутые. Исследовав их, размышляем модели соответственно реальной экосистеме. Изучение свойств незамкнутых моделей использует знания о соответствующих замкнутых моделях. Это дает возможность изучать водную экосистему системно и более точно, чем в иных вариантах.

Во-вторых, моделей одной и той же водной экосистемы может быть много. Поскольку ко-

личественные знания о водных экосистемах обладают малой точностью, то для достижения качественных результатов при математическом моделировании мы предлагаем использовать многомодельный подход, состоящий в разработке и исследовании серии моделей одного и того же объекта. Об одной и той же экосистеме может найтись информация в разных источниках, эта информация может диктовать создание разных математических моделей функционирования этой экосистемы. Разные модели одного и того же объекта должны быть как-то связаны друг с другом. Взаимосвязи моделей будем характеризовать их согласованностью. В работе определяется понятие согласованности моделей, оно применяется для определения параметров в моделях.

Итак, рассматривается способ математического моделирования водных экосистем, использующий замкнутые модели, многомодельные описания при условиях согласованности моделей. Способ иллюстрируется примером о Беринговом море.

Работа поддержана грантом ДВО РАН, проект № 09-I-П2-02.

Водная экосистема представляется основными блоками, как указано во введении. Состояние экосистемы описывается n -мерным вектором x компоненты которого суть биомассы или массы соответствующих блоков. Модель экосистемы построим на основе автономной системы дифференциальных уравнений

$$\dot{x} = f(x, a). \quad (1)$$

Здесь a - вектор постоянных параметров, значение которого мы обсудим позже в разделе про согласованность моделей. Мы считаем, что пол-

ностью, без потерь, описываем потоки вещества. Тогда наши модели замкнуты в том смысле, что для всех допустимых значений x выполняется тождество:

$$\sum_{j=1}^n f_j(x, a) \equiv 0,$$

т.е. сумма биомасс в системе постоянна во времени:

$$\sum_{j=1}^n x_j(t) = const.$$

Это один из вариантов замкнутости, более подробные сведения можно почерпнуть в работе [1].

Пусть мы имеем еще одну модель этой же экосистемы, представленную системой дифференциальных уравнений:

$$\dot{y} = g(y, b), \tag{2}$$

где y - вектор биомасс (масс) блоков при другом представлении экосистемы, b - вектор параметров второй модели.

Векторы x, y связаны некоторыми соотношениями

$$h(x, y, c) = 0 \tag{3}$$

из-за описания одного и того же объекта.

Согласованность моделей будем понимать в смысле согласованности их параметров, струк-

тур и решений. Формализуем это понятие. Через a, b, c обозначены векторы неизвестных параметров в моделях (1), (2) и условия связи (3).

Вычислим полную производную $\frac{dh}{dt}$ вдоль решений систем уравнений (1) и (2) и будем искать параметры a, b, c из условия близости этой производной к нулю:

$$\left\| \frac{\partial h(x, y, c)}{\partial x} \cdot f(x, a) + \frac{\partial h(x, y, c)}{\partial y} \cdot g(y, b) \right\|_{(a, b, c)} \rightarrow \inf. \tag{4}$$

Здесь $\|\cdot\|$ обозначает норму в пространстве измеримых интегрируемых с квадратом функций. Условие (4) означает согласование по скоростям \dot{x}, \dot{y} , фазовых переменных, а не по самим переменным x, y , как записано в условии (3). В то же время мы согласовываем модели не только на решениях обыкновенных дифференциальных уравнений, но и на некотором множестве значений переменной x . Итак, формально согласованность моделей определяется условием (4) на выбор параметров a, b, c .

ПРИМЕР: ЭКОСИСТЕМА БЕРИНГОВА МОРЯ

Основные блоки и направления потоков вещества между ними указаны на рис. 1.

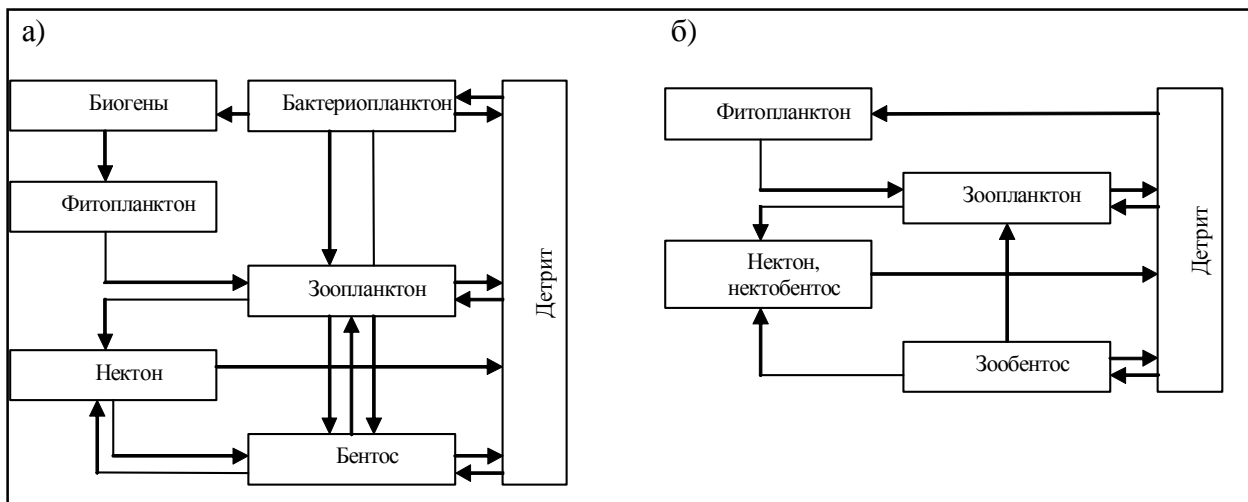


Рис.1. Потоки вещества в моделях для экосистемы Берингова моря

Минеральные вещества на основе углерода, кремния, фосфора и азота (биогенные вещества) используются в процессе фотосинтеза при создании органического вещества и построении растительных организмов (фитопланктон, 1). Здесь и далее в скобках указаны буквенные или числовые индексы блоков в моделях. Бактериопланктон (d) минерализует отмершую органику (детрит, o), используя часть вещества и энергию для

собственной жизнедеятельности. В этом блоке присутствуют также простейшие. Остальные стрелки между блоками живых организмов указывают направления перехода (с преобразованием) вещества в процессе поедания одних организмов другими. Неусвоенная при этом органика поступает в детрит. Органика поступает в детрит также при отмирании организмов по не-трофическим причинам. Обратная связь пред-

ставлена потоками вещества из детрита в биогены с переработкой их в блоке бактериопланктона. Блок зоопланктона (2) включает нехищный и хищный зоопланктон, нектон (3) состоит из всех активно движущихся в толще воды организмов, бентос (4) делится на нехищный (мелкий) и хищный (крупный). Блоки биогенных элементов (b) и бактериопланктона фигурируют только в первой модели. Время измеряется в годах, плотности масс (биомасс) блоков – в т/км².

Пусть $x_i(t)$ плотность массы (биомассы) i -го блока. Скорости потоков вещества между блоками обозначены $V_{ij}(x_i, x_j)$ для $i, j \in J, (i, j) \in P$. Через $J = \{1, 2, 3, 4, d\}$ обозначено множество индексов блоков живых организмов, P – это множество пар взаимодействующих блоков (взаимодействия типа «хищник – жертва» или «ресурс – потребитель»). В случае блоков живых организмов функции $V_{ij}(x_i, x_j)$ представляют собой трофические функции. Часть u_{ij} потребленной продукции усваивается j -ым блоком, а ее доля k_{ij} идет на рост, т.е. на образование продукции j -ым блоком. Часть отмершей биомассы со скоростью m_i переходит в детрит. Детрит формируется также за счет пищи, не усвоенной другими блоками.

Система является замкнутой: поток вещества через ее границу равен нулю.

Тогда изменение масс (биомасс) блоков в первой модели представляется в виде

$$\begin{cases} \dot{x}_b = (1 - u_{od})V_{od}(x_o, x_d) - \sum_{\{(b,l) \in P\}} V_{bl}(x_b, x_l); \\ \dot{x}_j = \sum_{\{(i,j) \in P\}} k_{ij} u_{ij} V_{ij}(x_i, x_j) - \sum_{\{(l,j) \in P\}} V_{lj}(x_l, x_j) - m_j(x_j), j \in J; \\ \dot{x}_o = (1 - k_{od})u_{od}V_{od}(x_o, x_d) + \sum_{\{(i,j) \in P\}} (1 - k_{ij} u_{ij}) V_{ij}(x_i, x_j) + \\ + \sum_{j \in J} m_j(x_j) - \sum_{\{(o,l) \in P\}} V_{ol}(x_o, x_l). \end{cases} \quad (5)$$

Во второй модели часть блоков отсутствует, уравнения преобразуются соответствующим образом.

Из способа построения модели следуют соотношения между массами:

$$y_j = x_{j+2}, j = 1, 2; y_3 = x_5 + kx_6; y_4 = (1 - k)x_6; y_5 = x_7. \quad (6)$$

Коэффициент k определяется долей нектобентоса в блоке бентоса для первой модели. Так как расчеты производятся в некоторой окрестности наблюдаемых состояний системы, то с некоторой натяжкой мы принимаем этот коэффициент постоянным.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПАРАМЕТРОВ МОДЕЛИ

Из описаний моделей экосистемы Берингова моря получены значения некоторых параметров трофических взаимодействий для системы (5).

Использована модель западной части Берингова моря, описывающая взаимодействие 36 групп видов.

Для блоков живых организмов трофические функции представляются в виде $V_{ij}(x_i, x_j) = r_{ij} x_i x_j$. Для 27 групп скорости выедания r_{ij} вычислены из известных долей жертв в рационе хищника, а также известных суммарных объемов потребляемой биомассы, и оценок самих биомасс. Для блоков оценки скоростей потребления получены усреднением с весами этих оценок для входящих в блоки основных видов. Скорости усвоения фитопланктоном биогенных элементов, потребления бактериопланктона зоопланктоном и бентосом найдены через P/B - коэффициенты. Предположим, что средние оценки масс блоков [4] определяют равновесное состояние экосистемы (в т под кв.км поверхности): биогены – 9795, бактериопланктон – 476, фитопланктон – 400, зоопланктон – 250, нектон – 42, бентос – 261, детрит – 11 217. Тогда неизвестные коэффициенты r_{ij} и коэффициенты смертности вычисляются из условия равновесия системы. Пересчитаны коэффициенты усвояемости u_{ij} и коэффициенты использования усвоенной пищи на рост k_{ij} .

Для второй модели параметры получены на основе условия равновесности наблюдаемого состояния системы и условия (4) согласования с первой моделью.

ИССЛЕДОВАНИЕ РАВНОВЕСИЙ СИСТЕМЫ И ИХ УСТОЙЧИВОСТИ

В замкнутой системе правая часть одного дифференциального уравнения является линейной комбинацией остальных. Поэтому состояния равновесия систем (1) и (2) представляют однопараметрические кривые в пространствах R^n и R^m . Это именно кривые, а не прямые, хотя в представленной на рис. 2 проекции они близки к прямым линиям.

Под биомассой понимается суммарная биомасса фито-, зоопланктона, нектона и бентоса. Общая масса M по горизонтальной оси на рис. 2 – это сумма биомассы и массы детрита. Для первой модели условие существования и устойчивости равновесий состоит в неравенстве $M > 15771$, а для второй $M > 9245$. Устойчивость иллюстрируется расчетами для замкнутых моделей (3 на рис. 2). Из неравновесного состояния экосистема за два года возвращается в окрестность кривых равновесий. Но из разных начальных состояний экосистемы приходят к разным равновесиям.

Рассмотрен незамкнутый вариант (4 на рис. 2), полученный следующими изменениями замк-

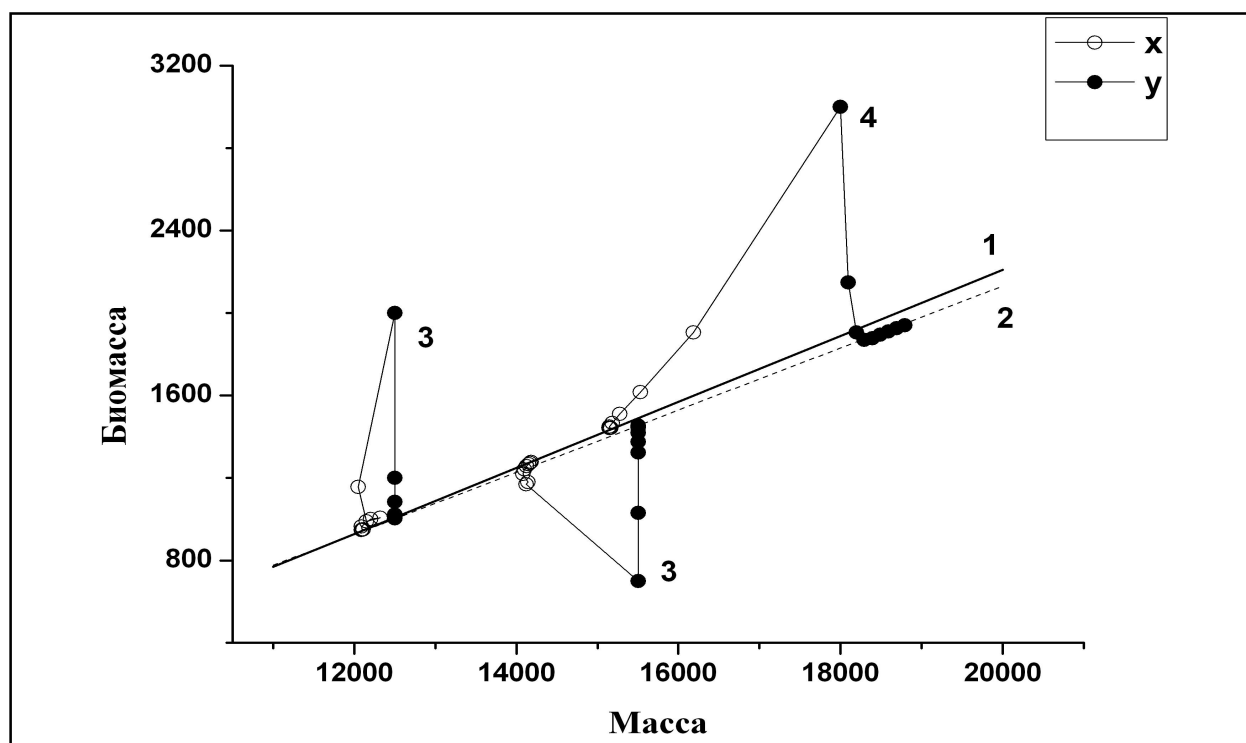


Рис. 2. Кривые равновесий для первой (1) и второй (2) моделей. Примеры переходных режимов в замкнутых (3) и незамкнутых (4) моделях

нутости: в первой модели масса биогенов прирастает со скоростью 200 т/км² в год, а детрит убывает с удельной скоростью 0,01 в год; во второй модели детрит прибывает с удельной 0,006 в год. С учетом качественных различий в моделях эти изменения примерно одинаковы для общих блоков первой и второй моделей. Расчеты показывают, что за 2 - 4 года также достигаются окрестности кривых равновесий, построенных для замкнутых моделей. Но сами точки равновесия несколько отличаются от тех, которые были бы достигнуты в замкнутых моделях.

Незамкнутый вариант (4 на рис. 2) просчитан также с имитацией изменений условий внешней среды. Это сделано изменением скоростей потребления: $r_{ij}(t) = r_{ij}(1 + 0.1 \sin 4\pi t / T)$ (для блоков живых организмов). Для примера на рис. 3 указана динамика биомасс бентоса а) для первой модели и зообентоса, б) для второй модели для постоянных и осциллирующих коэффициентов скоростей потребления. Во второй модели блок бентоса представлен зообентосом и рис. 3 наглядно демонстрирует большую отзывчивость мелких организмов на изменения условий среды обитания.

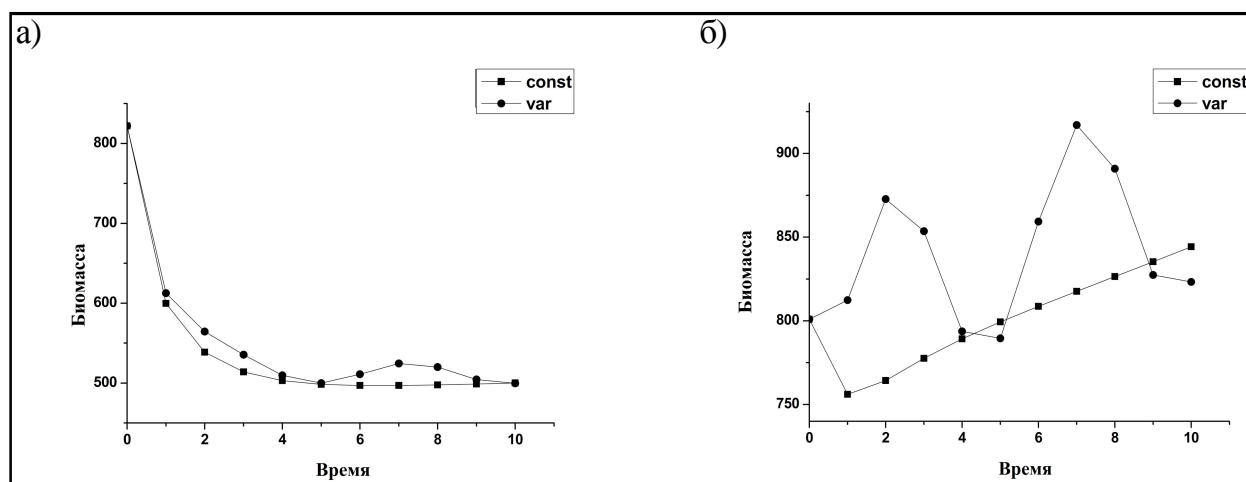


Рис. 3. Динамика бентоса в первой модели (а) и зообентоса во второй модели (б) при постоянных и осциллирующих коэффициентах потребления

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Применение замкнутых моделей для водных экосистем позволяет системно анализировать свойства модельных решений и плавно переходить к более адекватным незамкнутым моделям для экосистем. Многомодельный подход с взаимно согласованными моделями дает возможность более полно использовать информацию об экосистеме из разных источников и получать более полноценные качественные и более точные количественные результаты.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Губанов В.Г., Дегерменджи А.Г. О замкнутости биотического круговорота вещества в надорганизменных системах (методологический аспект). Мера биотической замкнутости // Очерки экологической биофизики. Новосибирск: Изд-во СО РАН, 2003. С. 318-333.
2. Йоргенсен С.Э. Управление озерными экосистемами. М.: Агропромиздат, 1985. 160 с.
3. Левасту Т., Ларкинз Г. Морская промышленная экосистема. М.: Агропромиздат, 1987. 165 с.
4. A comparison of the Eastern Bering and Western Bering Sea Shelf and slope ecosystems through the use of mass-balance food web models // NOAA Technical Memorandum NMFS-AFSC-130/by K.Y. Aydin, V.V. Lapko, V.I. Radchenko, and P.A. Livingston, 2002. URL: http://www.ecopath.org/modules/Models/papers/eastern_western_bering.pdf (дата обращения: 10 февраля 2009).

MULTIMODELLING RESEARCH FOR THE AQUATIC ECOSYSTEMS

© 2009 A.I. Abakumov, E.E. Giricheva

Institute for Automaton and Control Processes, Far Eastern Branch of
the Russian Academy of Sciences, Vladivostok;
e-mail: abakumov@iacp.dvo.ru, zhenya77@yandex.ru

The mathematical models describe structure and streams of substance for aquatic ecosystem. The blocks of the model are communities of similar species or sets of similar substances. The trophic structure of ecosystem is the traditional basis for mathematical models. The same ecosystem can have many models which base on different information. We connect these models by some condition of the coordination. Models for ecosystem of Bering Sea are represented in the form of systems of the differential equations. The multimodelling approach with coordinated models gives more qualitative results. The presentation contains the results of the computing experiments.

Keywords: aquatic ecological system, trophic relations, mathematical model, differential equation.