Jber. Abt. Limnol. Innsbruck 4: 9o - 1o1 (1978)

2.4 Dynamische Simulation des Phytoplanktons im Oekosystem des Piburger Sees (G.W. KNECHT)

Die Arbeiten an einem dynamischen Modell für das Phytoplankton des Piburger Sees wurden fortgesetzt. Das Ziel dieser Arbeiten ist es, ein Computermodell zu entwickeln, das zur Beschreibung sowohl der Prozesse im Ökoystem, wie auch zur Voraussage von Änderungen des Systems, verwendet werden kann.
Der Aufbau und die Arbeitsweise des entwickelten Modells PHYTOSIM 1/2 sowie dessen Verhalten wurde schon gegeben (KNECHT 1977) und wird hier nicht mehr angeführt. In Abb. 2.4.-1 sind die Abhängigkeiten und in Abb. 2.4.-2 die Abhängigkeitsfunktionen (AF), die teilweise verändert wurden, nochmals abgebildet.
Eine AF definiert die Beeinflussung einer Modellkomponente durch eine andere und wird dadurch festgelegt, daß beliebige Meßwerte in einem Diagramm vorgegeben werden, die der Computer dann mittels kubischer Splines verbindet. Veränderungen eines Punktes ergeben neue AF.
Oft liegen nur wenige Meßwerte (x_i, y_i) einer Abhängigkeit vor (etwa bei monatlicher Messung), oder es gibt andere Gründe, die eine Regression nicht zulassen. Zumeist hat der Forscher durch seine langjährige Arbeit auch eine intuitive Vorstellung von den Abhängigkeiten im System, die oft besser ist als irgendwelche gemessenen Werte. Gerade für diesen Fall sind AF bestens geeignet.

Die meiste Arbeit fiel bei der Entwicklung einer adäquaten mathematischen Theorie für ökologische Systeme und Modelle (KNECHT 1978) und bei der Berechnung der Stabilität des verwendeten Simulationsverfahrens an.
Es zeigte sich, daß PHYTOSIM 1/2 sehr sensibel auf jegliche Einflüsse reagiert. Manche Fehler in den AF haben teilweise fatale Folgen. Da die Berechnungen im Modell pro Tag erfolgen, entspricht beispielsweise ein generelles Anheben der Elimination (AF: ELIM) um 0,5% (Phytopl.), was durchaus nicht unmöglich ist, bei einem Simulationszeitraum von 122 Tagen (74-01-01 bis 74-09-30) etwa einer Verzinsung mit 0.5% alle 3 Tage während eines ganzen Jahres. Beinahe unmerkliche Veränderungen von ELIM haben beobachtbare Auswirkungen auf die berechnete Phytoplanktonbiomassekurve (PBK), die das Ergebnis der Simulation darstellt und lassen somit eine

Beeinflussung des Ergebnisses zu. Diese Tatsache wurde dazu verwendet, um der berechneten PBK ihre jetzige Gestalt zu verleihen. Die Manipulationen sind gering und selbst für einen Fachmann nur schwer zu entdecken. Daneben existieren noch eine Menge von Möglichkeiten, den Verlauf der PBK zu beeinflussen. Wenn dies schon bei PHYTOSIM, einem einfachen und groben Modell bereits in einem solchen Umfang möglich ist, wie groß sind dann die Möglichkeiten der Manipulation bei komplexeren Modellen?
Wie leicht sich das Ergebnis manipulieren läßt, soll die Abb. 2.1.-4 zeigen. Mit einer ganz geringen Änderung der AF ELIM läßt sich eine annähernd konstante PBK simulieren (man beachte die unterschiedlichen Skalen an den rechten Achsen). Die simulierte PBK ist zum Vergleich in Abb. 2.4.-3 dargestellt. Das dabei verwendete ELIM ist aus Abb. 2.4.-2 ersichtlich. Für Limnologen ohne größere EDV-Kenntnisse ist es unmöglich zu erkennen, welche Kurve nun "echt simuliert" wurde und welche manipuliert ist.

Wenn auch die exakte Form des Ergebnisses bei PHYTOSIM (wie auch bei anderen Modellen) nur durch Probieren erreicht wurde, ist dies auch schon ein Erfolg, da dadurch das Modell wenigstens in den Größenordnungen den Anforderungen entspricht. Auch die positiven Begleiterscheinungen des Modellierens wie das Notwendigwerden von Untersuchungskoordinierungen oder das Erkennen von Lücken in den experimentellen Unterlagen,das bessere Verstehen der Kausalzusammenhänge im System usw. (KNECHT 1978 S. 48, 49) dürfen nicht vergessen werden.
Die Abb. 2.4.-4 soll aber auch ein Hinweis darauf sein, Modellen nicht von vornherein zu trauen oder sie kritiklos zu betrachten. Auf die Frage: "Angenommen, einige ins Modell eingegangene Daten seien schlecht und sie würden durch bessere ersetzt werden; würde dann die Simulation sofort bessere oder schlechtere Ergebnisse zeigen?" wird jeder Modellierer zugeben müssen, daß das Ergebnis langfristig sicher besser, das Modell sofort danach aber sehr viel Unsinn produzieren würde. Daran sieht man, wie viel des Ergebnisses in den Modellgrundlagen schon enthalten ist.
Eine gewisse Manipulation ist bei jedem Modell nötig, wenn es ein "vernünftiges Ergebnis" liefern soll. Auf diese Weise kann fast jedes Ergebnis erreicht werden. So schreibt auch BORCHARDT (1973 lt. HUGGER), "daß man mit Computern auch exakt das Gegenteil von dem

simulieren könnte, was die Autoren als Ergebnis herausbekommen".
Ursache für gewisse "Computergläubigkeit" mag auch zum Teil sein, daß sich Empiriker (z.B. Limnologen) ihrer Messungen, und insbesondere ihrer Interpretationen, nicht ganz sicher sind, während "Computeraussagen" als mindestens gleich richtig erachtet werden. Gerade PHYTOSIM soll der Computergläubigkeit durch seine Einfachheit und durch das Fehlen von Formeln entgegenwirken und aufzeigen, wie bei einfachen Modellen schon große Schwierigkeiten entstehen können.
Die Reaktionen der Fachleute blieben lange aus. Keiner der führenden Limnologen wagte es, die Methoden der Modellierer anzugreifen. Erst spät äußerte sich auch J.F. TALLING (1977) zu diesem Problem. Er schreibe teilweise aus Rebellion und teilweise, um auf generelle Prinzipien aufmerksam zu machen. In der Zusammenfassung kritisiert er sodann die existierenden Modelle und weist auf viele Fehler hin.
Weiters meint er, es sei eine Kuriosität, daß gewisse ökologische Grunderkenntnisse (Liebigsches Gesetz vom Minimum, 1840, Prinzip des limitierenden Faktors von F.F. Blackman, 1905) heute noch umstritten sind, während die verschiedenen Arten des Modellierens und die so gewonnenen Modelle als evident angesehen werden.

Der Frage nach dem Einfluß von zufälligen Fehlern in den AF wurde viel Bedeutung geschenkt. Wie reagiert das Modell auf solche Fehler und wie verändert sich die berechnete PBK?
Aufgrund gleicher Messungen während anderer Jahre, die jedoch nicht ins Modell eingegangen sind, können wir den bei der Berechnung mittels einer AF entstehenden relativen Fehler mit einer Varianz von höchstens $\sigma_g^2 = 0.05$ annehmen. Die Steigerungen sind nirgends so groß, daß diese Varianz überschritten zu werden droht. Die Varianz $\sigma_g^2 = 0.05$ ist recht grob gewählt, da selbst ein dauernder relativer Fehler von 20% eine kleinere Varianz, nämlich 0.04, hat.
Bei der Untersuchung der Stabilität des bei der Simulation verwendeten Verfahrens, die sich aufgrund der iterativen Berechnungen als sehr kompliziert erwies, ergab sich kein analytisches Ergebnis. Um die Entwicklung der PBK unter gewissen Fehlerbedingungen studieren zu können, werden die AF durch Zufallszahlengeneratoren verfälscht.Wir betrachten dann den Einfluß dieser Fehlerquellen auf die berechnete PBK.

Aufgrund der großen Anzahl von Berechnungen sind nach dem zentralen Grenzwertsatz die Fehler annähernd normal verteilt.
Jeder Abhängigkeitsfunktion $AF(x,y) : R_x \longrightarrow R_y : a \longrightarrow AF(x,y)(a)$ (wobei R_x und R_y die Werte enthalten, die x bzw. y annehmen können) wird ein normalverteilter relativer Fehler e mit dem Erwartungswert EW(e) = o und verschiedener Standardabweichung dazugezählt, also: $a \longrightarrow AF(x,y)(a) * (1+e)$, d.h. bei jeder Berechnung ergibt sich ein relativer Fehler von e%.
Die Auswirkungen von solchen Fehlern auf die PBK sind aus den Abbildungen 2.4.-5a und 2.4.-5b ersichtlich. Die Standardabweichungen sind jeweils in Klammern angeführt.
Man sieht, bei kleineren Standardabweichungen ($\leqslant$ o.1) des relativen Fehlers weicht die PBK nicht stark von der in Abb. 3 ab. Doch schon bei einer Standardabweichung von σ = 0.2 kann man eine deutliche Veränderung im Verlauf der Kurve feststellen. Man beachte wieder die für jede Zeichnung andere Skala auf der rechten Achse.
Bei Standardabweichungen mit $\sigma \geqslant$ 0.3 ist die Kurve deutlich verschieden von x der in Abb. 2.4.-3 und tendiert gegen o. Man kann somit sagen, daß die Simulation kurzer Zeiträume bei einer Standardabweichung mit $\sigma >$ o.2 ein großes Fehlerrisiko mit sich bringt.
Auch bei Fehlern mit $\sigma <$ o.2 ist eine Simulation über Zeiträume größer als 150 Tage nicht empfehlenswert, da die Abweichung von der in Abb. 6.1.-3 gezeigten Kurve dann recht groß werden kann.
Der für die AF geschätzte auftretende relative Fehler von ca. 0.2 liegt somit schon im kritischen Bereich.
Da der effektiv in den AF auftretende Fehler wahrscheinlich stückweise positiv und stückweise negative sein wird und nicht, wie angenommen, um den EW(e) = o oszilliert, ist die in Abb. 2.4.-3 abgebildete Kurve noch stärker zu bezweifeln.
Ob PHYTOSIM oder auch andere Modelle somit für die Voraussage überhaupt einen Sinn haben, ist noch nicht zur Gänze abzuschätzen. Es gilt jedenfalls, etwa durch mehr Modellkomponenten, die Fehler so in den Griff zu bekommen, daß sie sich nicht akkumulieren können, wie es in PHYTOSIM der Fall ist.
Die Güte eines Modells hängt weiters im wesentlichen ab von

1) der Übereinstimmung von System und Modell, d.h. von der Wahl der Modellkomponenten,

2) der Art und Weise, wie die Interaktionen beschrieben und behandelt werden,
3) der Qualität der analytischen Information.

Während die meisten limnologischen Modelle fein gegliedert sind, ist PHYTOSIM einfach und grob strukturiert. Die Übereinstimmung von System und Modell ist ausreichend gegeben, wenngleich einige Unterscheidungen innerhalb einer Komponente noch angebracht wären, derzeit aber nur schwer möglich sind. Der Chemismus wird vernachlässigt und als nicht limitierend betrachtet.
Durch die Einfachheit des Modells ergibt sich kein besonderes Problem bei der Festlegung der Interaktionen. Die Vorgangsweise ergibt sich fast von selbst, wenngleich mit dem Konzept der AF eine einfache Art angestrebt wurde. Die Qualität der analytischen Information ist ausreichend für die grobe Struktur des Modells.
Die resultierende Qualität von PHYTOSIM ist nicht allzu groß, verursacht durch die geringe Strukturierung und die geringe Menge der berücksichtigten Daten. Dies wurde jedoch von vornherein in Kauf genommen und läßt sich sukzessive verbessern.
Eine weitere Strukturierung, wie sie C.J. WALTERS (Referat und persönliche Mitteilung IIASA-Workshop Obergurgl, April 1975) vorschlägt, wird nicht in Betracht gezogen.

Eine große Aufgabe des Modellierers ist es auch, die Zusammenhänge im Ökosystem klarzustellen, d.h. ein Modell ist ein Hilfsmittel, ein Ökosystem zu erforschen, die Kausalzusammenhänge zu erkennen. Dieser Aufgabe steht ein Modellierer zumeist ratlos gegenüber.
Wie soll ein Modell gebaut werden, wenn die Grundlagen, die für dieses Modell benötigt werden, eben durch dieses Modell erst gefunden werden sollen?
Man weiß zwar, wie die Interaktionen im System sein sollten, weiß aber im gleichen Atemzug eine Entgegnung, warum das gerade bei diesem Ökosystem nicht zutrifft bzw. anders sein könnte.
Die Tatsache, fast aus dem Nichts ein Modell bauen zu müssen, sowie die nicht allzu große Qualität der Meßdaten, ist die größte Beschränkung eines Modells. Diese Beschränkung trifft PHYTOSIM insoweit weniger, als vom Piburger See im internationalen Vergleich relativ viele Daten vorhanden sind, und PHYTOSIM nicht stark gegliedert ist.

Weiterhin unverständlich bleiben mir die vielen komplizierten Modelle anderer Modellierer, die unwahrscheinliche Kleinigkeiten berücksichtigen, dabei aber oft weniger Daten zur Verfügung haben, als sie vom Piburger See vorhanden sind.

Jede weitere Steigerung der Komplexität von PHYTOSIM wäre ein Schritt ins Unsichere. Gewisse Aufspaltungen einzelner Komponenten in mehrere verschiedene Komponenten wären möglich, doch kann man dann die internen Zusammenhänge nicht mehr angeben. Sie müßten geschätzt werden, wie dies üblicherweise bei anderen, "exakteren" Modellen geschieht. Zur Zeit wird daher von jeder größeren Detaillierung des Modells abgesehen.
Gerade durch die einfache Handhabung von PHYTOSIM (z.B. das Konzept der AF) und das laufende Anfallen weiterer Daten ist jedoch ein Ausbau des Modells in näherer Zukunft nicht unmöglich.

Zitierte Literatur:

BORCHARDT, K. (1973): Wo liegen nun die Grenzen des Wachstums? - Handelsblatt 28,9

HUGGER, W. (1974): Weltmodelle auf dem Prüfstand. - Birkhäuser Verlag, Basel und Stuttgart

KNECHT, G.(1977): Dynamische Simulation des Ökosystems des Piburger Sees. - In:BRETSCHKO G., HEHENWARTER R. (Hrsg.).- Jber. Abt. Limnol. Innsbruck 3:176-181

KNECHT, G. (1978): Dynamische Simulation der Planktonalgen im Ökosystem des Piburger Sees. - Diss. Univ. Innsbruck: 1-146

TALLING, J.F. (1977):Factor interactions and implications for the prediction of lake metabolism, Uppsala Univ. 500 years Jubilee Symposion on Lake Metabolism and Lake Management (Preprint).

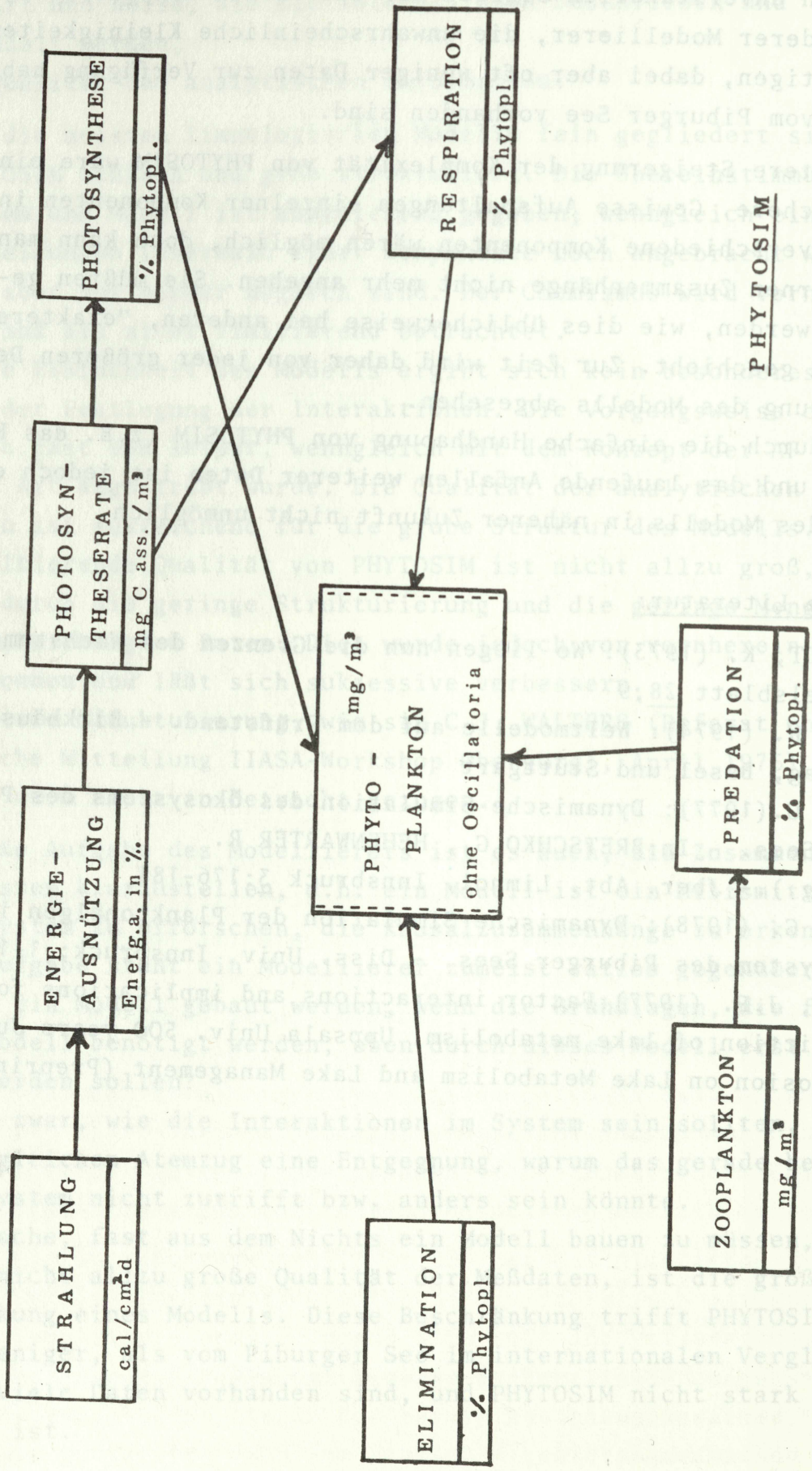


Abb. 2.4.-1

Abhängigkeiten

jb.

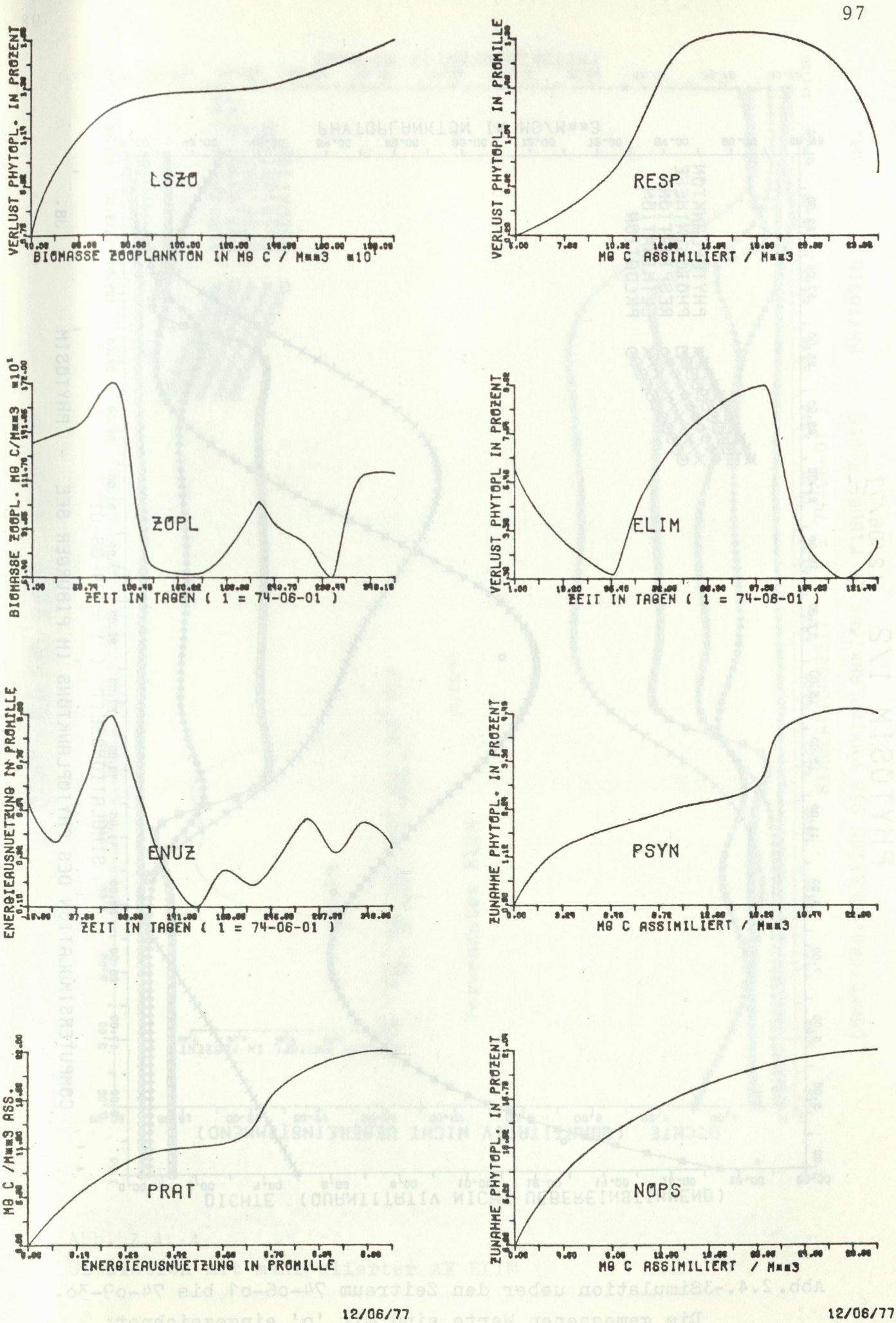


Abb. 2.4.-2 : Inputzeitfunktionen und AF - PHYTOSIM

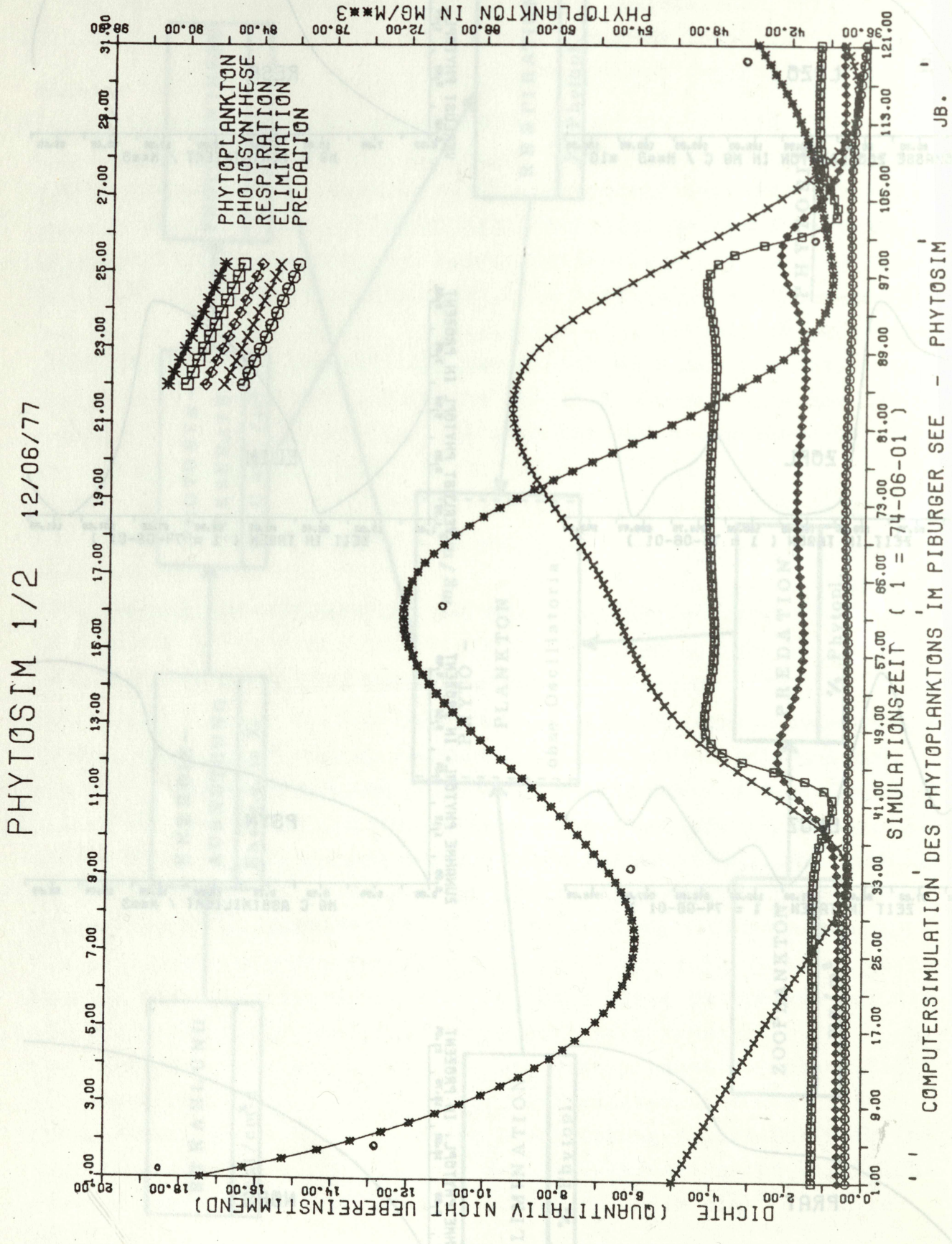


Abb. 2.4.-3Simulation ueber den Zeitraum 74-06-01 bis 74-09-30.
Die gemessenen Werte sind mit 'o' eingezeichnet.

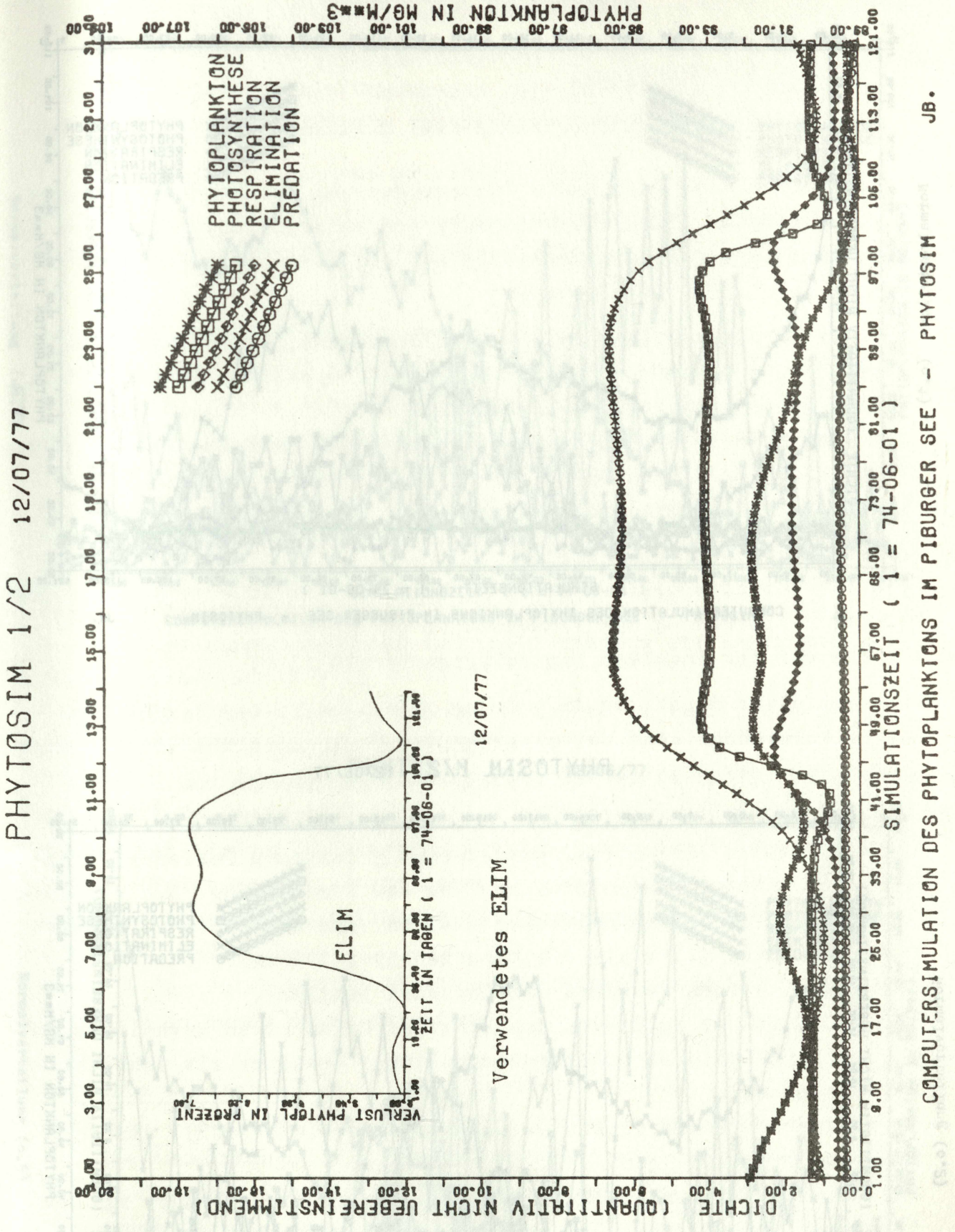
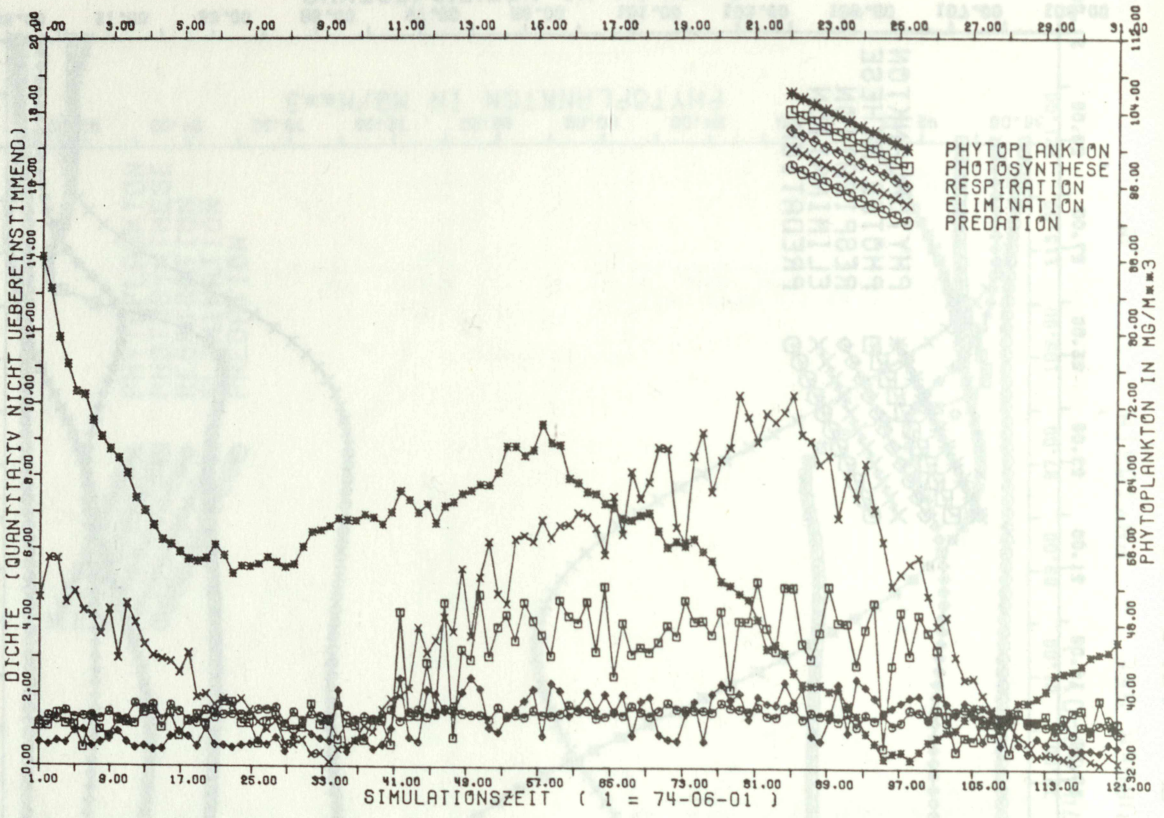
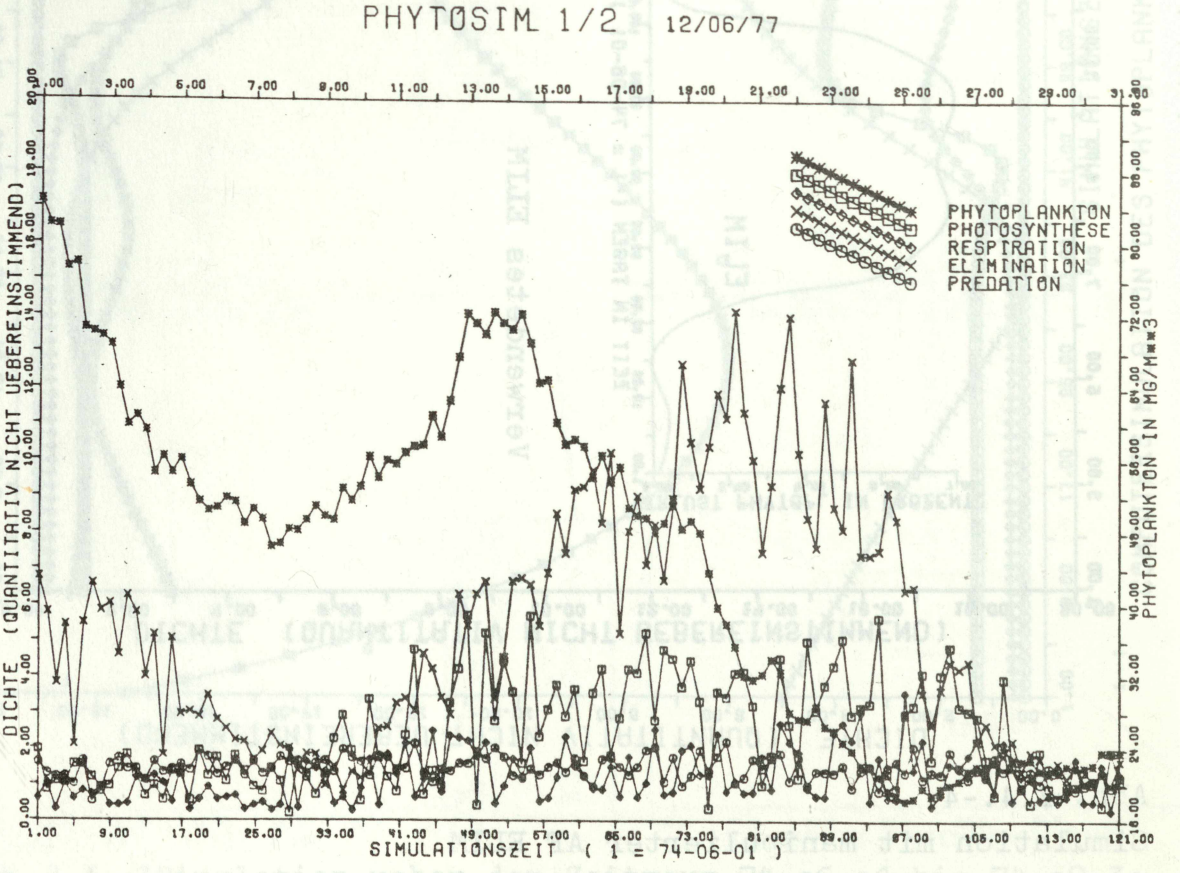


Abb. 2.4.-4
Simulation mit manipulierter AF ELIM



COMPUTERSIMULATION DES PHYTOPLANKTONS IM PIBURGER SEE - PHYTOSIM JB.

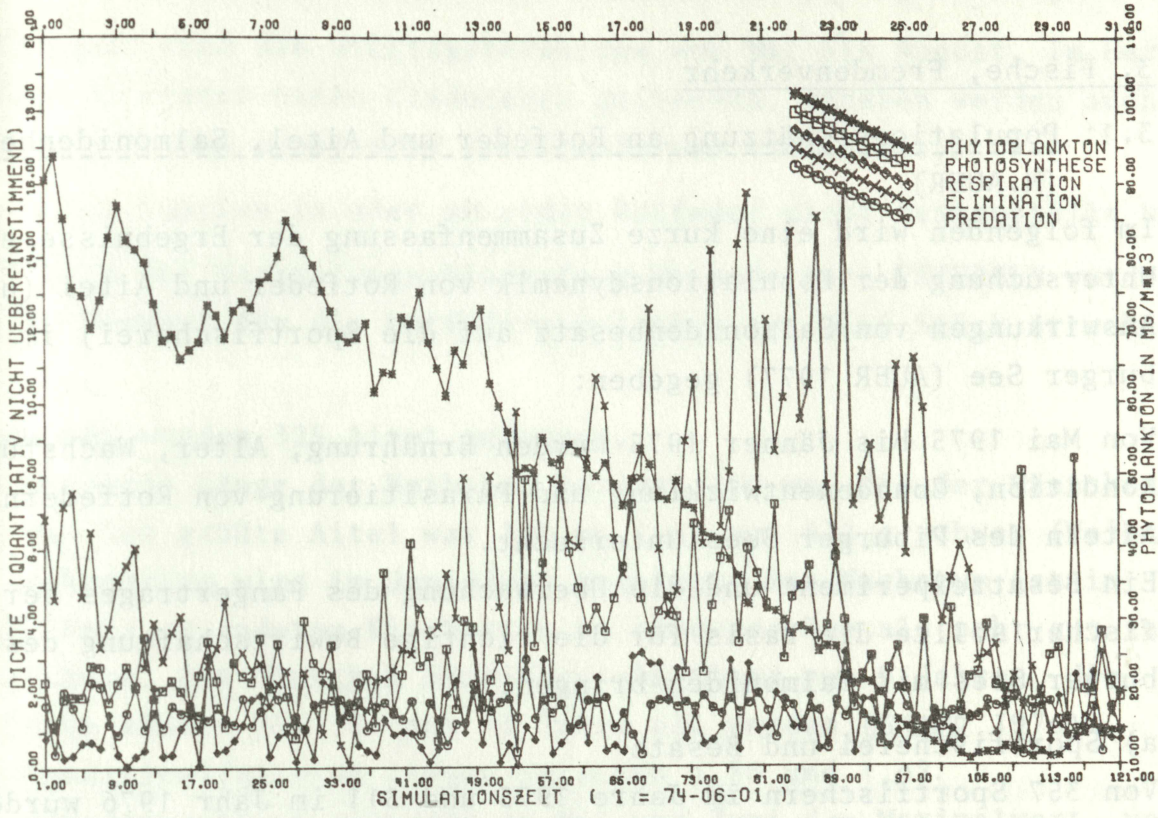
Normalverteilung (o.1)



COMPUTERSIMULATION DES PHYTOPLANKTONS IM PIBURGER SEE - PHYTOSIM JB.

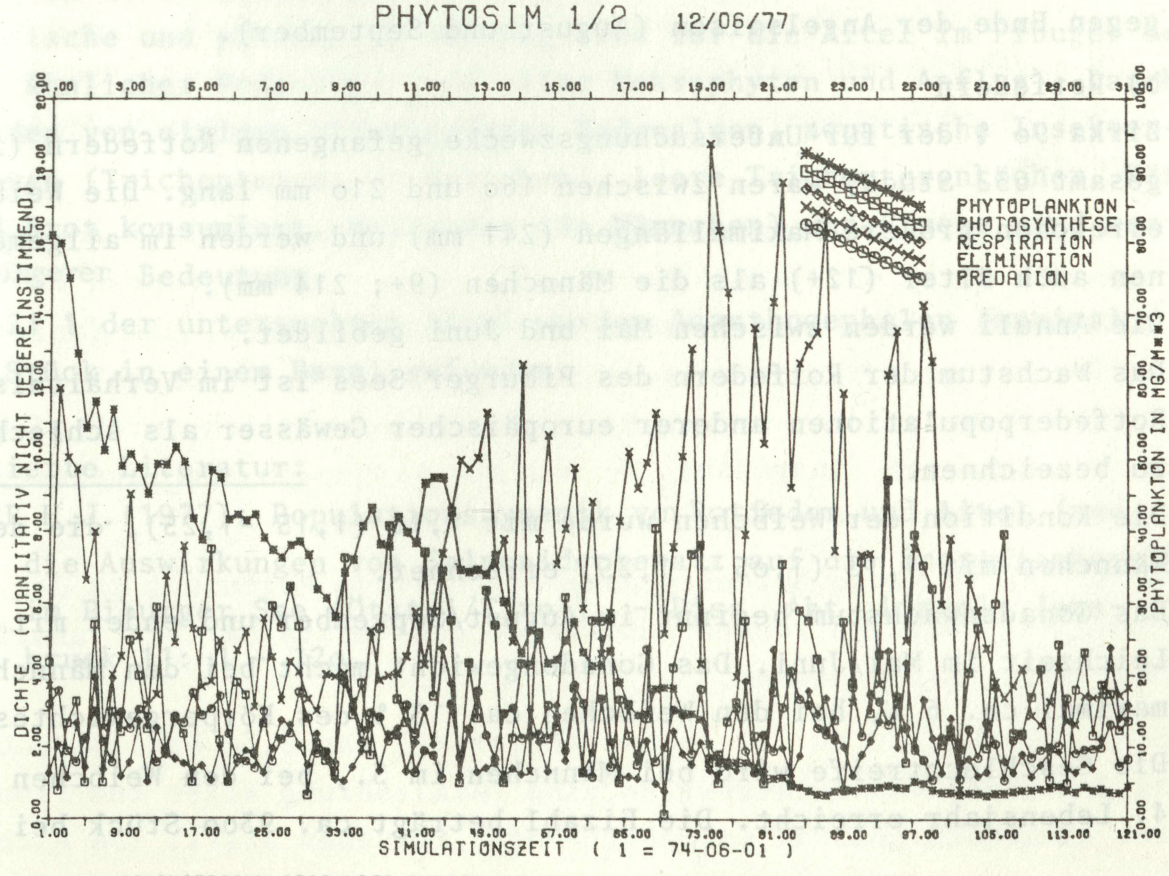
Normalverteilung (o.2)

Abb. 2.4.-5a



Normalverteilung (-6.7)

COMPUTERSIMULATION DES PHYTOPLANKTONS IM PIBURGER SEE - PHYTOSIM JB.



Normalverteilung (o.5)

COMPUTERSIMULATION DES PHYTOPLANKTONS IM PIBURGER SEE - PHYTOSIM JB.

Abb. 2.4.-5b

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: Jahresbericht der Abteilung für Limnologie am Institut für Zoologie der Universität Innsbruck

Jahr/Year: 1977

Band/Volume: 1977

Autor(en)/Author(s): Knecht G. W.

Artikel/Article: Dynamische Simulation dess Phytoplanktons im Oekosystem des Piburger Sees 90-101