



**ИФХиБПП РАН**



# CAMPUS-S

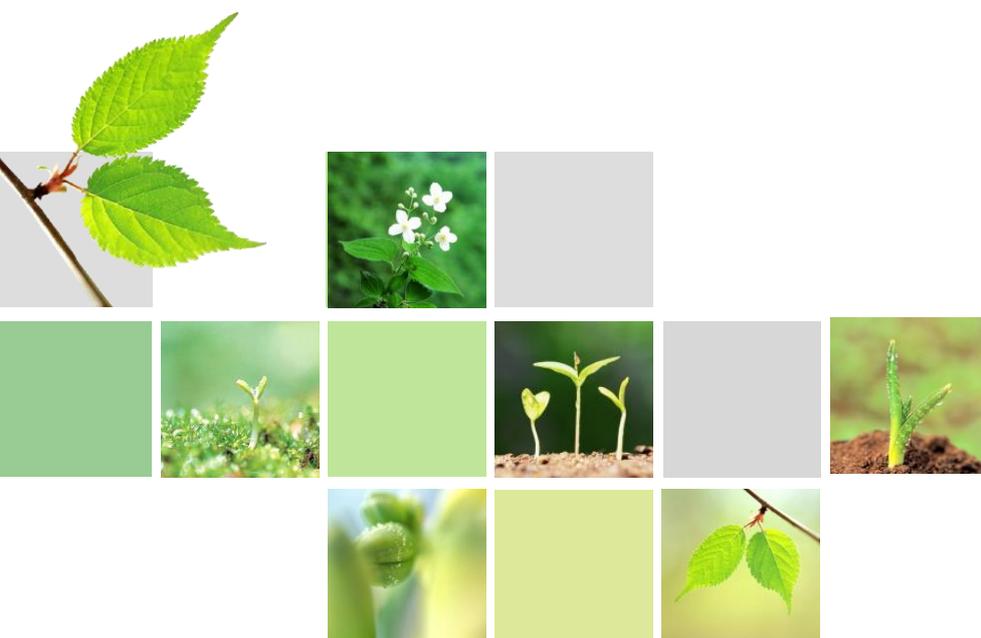
**Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ № 2016614973**

Решетчатая имитационная модель, предназначенная для моделирования популяционной динамики растений травянисто-кустарничкового яруса с различными типами онтогенеза, а также для моделирования динамики биофильных элементов в системе «растения травянисто-кустарничкового яруса – почва»

## Инструкция пользователя 2017

**Авторы модели:**

А.С. Комаров  
П.В. Фролов  
Е.В. Зубкова  
В.Н. Шанин  
С.С. Быховец



<http://ecomodelling.ru>

## Оглавление

1. Основные сведения о модели CAMPUS-S .....	3
1.1. Общая информация .....	3
1.2. История создания модели .....	3
1.3. Участие авторов .....	4
1.4. Принцип работы и структура модели .....	4
1.5. Установка программы и подготовка к работе .....	5
2. Ввод данных в ручном режиме .....	6
2.1. Конструирование онтогенеза .....	6
2.2. Ввод продукционных характеристик (только в Продукционном режиме) .....	7
2.3. Заполнение матрицы переходов между онтогенетическими состояниями .....	9
2.4. Ввод характеристик среды обитания и инициализационных параметров .....	9
3. Ввод данных в полуавтоматическом режиме .....	10
3.1. Загрузка ранее подготовленных файлов онтогенеза .....	10
3.2. Загрузка ранее подготовленных файлов продукционных характеристик (только в Продукционном режиме) .....	11
3.3. Загрузка ранее подготовленных матриц переходов между онтогенетическими состояниями .....	11
3.4. Ввод характеристик среды обитания и инициализационных параметров .....	11
4. Ввод данных в автоматическом режиме .....	12
5. Выполнение моделирования .....	12
5.1. Запуск и прерывание моделирования .....	12
5.2. Визуализация процесса и результатов моделирования .....	12
5.3. Сохранение результатов .....	13

# 1. Основные сведения о модели CAMPUS-S

## 1.1. Общая информация

Программный продукт CAMPUS (Cellular Automata Model of Plants' United Spread) является решетчатой имитационной моделью, предназначенной для моделирования популяционной динамики растений травянисто-кустарничкового яруса с различными типами онтогенеза, а также для моделирования динамики биофильных элементов в системе «растения травянисто-кустарничкового яруса – почва».

Программный продукт позволяет решать следующие задачи:

- Моделировать онтогенез одного растения.
- Исследовать взаимодействие растений в ценопопуляции.
- Исследовать конкурентные отношения между растениями одной популяции и разными видами в одном сообществе в зависимости от морфологических, временных и других видов поливариантности развития.
- Оценивать скорости занятия территории растениями при разных условиях абиотической среды: влажность, богатство почвы, освещенность.
- Оценивать развитие популяций при разных условиях биотической среды (почвенных и освещенности под пологом леса) при комплексном моделировании в системе моделей.
- Оценивать развитие моделируемых популяций при изменении климатических условий.
- Оценивать развитие популяций при антропогенных (рекреация, низовой пожар и др.) и зоогенных воздействиях (порои кабанов, лосей и др.).
- Оценивать вклад растений травянисто-кустарничкового яруса в круговорот биофильных элементов (углерода и азота) в лесных экосистемах при различных экологических условиях.

Программа ориентирована на проведение исследовательских работ и может быть использована для обучения студентов, магистрантов и аспирантов в курсе популяционной экологии растений.

## 1.2. История создания модели

Целью создания программы была разработка имитационной модели развития и длительного существования популяций и сообществ травянистых растений и анализ их возможной динамики и вклада в экосистемные функции при изменении условий произрастания. Программа основана на концепции дискретного описания онтогенеза растений по Т.А. Работнову (1950) и А.А. Уранову (1975) и экофизиологическом методе расчета продуктивности растений. Программный продукт реализует описание динамики популяций и сообществ растений травянисто-кустарничкового яруса в терминах динамики парциальных кустов и/или проективного покрытия и описание суммарной динамики биомассы растений и их фракций на основе данных, полученных при дискретном описании онтогенезов и привлеченных дополнительных данных по продуктивности и биомассе органов растений.

Программа явилась продолжением работ заведующего лабораторией моделирования экосистем д.б.н., проф. Александра Сергеевича Комарова по использованию метода клеточных автоматов для описания онтогенеза и жизни ценопопуляций травянистых растений и кустарничков (Комаров, 1987; Комаров, 1988; Жукова, Комаров, 1991; Комаров, Паленова, 2002; Komarov et al. 2013; Комаров и др., 2015а, б, в; Фролов и др., 2015; Зубкова и др., 2016).

### 1.3. Участие авторов

*А.С. Комаров* – создание концептуальных подходов к моделированию динамики популяций и сообществ клональных растений, формирование структуры модели и принципов её построения;

*П.В. Фролов* – разработка алгоритмов программы, программная реализация, параметризация, верификация, подготовка руководства пользователя;

*С.С. Быховец* – создание алгоритмов взаимодействия программ CAMPUS - ROMUL-SCLISS, параметризация, верификация, подготовка руководства пользователя;

*В.Н. Шанин* – создание алгоритмов взаимодействия программ CAMPUS - EFIMOD, параметризация;

*Е.В. Зубкова* – параметризация, верификация модели, подготовка руководства пользователя;

Авторы благодарят д.б.н. И.В. Лянгузову (БИН РАН, Санкт-Петербург), д.б.н., Т.А. Полянскую (национальный парк «Марий Чодра»), к.б.н. Л.В. Рыжову (Прокопьеву) (Марийский государственный университет, Йошкар-Ола), д.б.н. Maija Salemaa (Финляндия, Луке) за предоставленные материалы и консультации по онтогенетическому развитию и продуктивности черники (*Vaccinium myrtillus* L.) и брусники (*Vaccinium vitis-idaea* L.), а также д.б.н. О.Г. Чертова (Ольденбург, Германия), к.сх.н. М.А. Надпорожскую (Санкт-Петербургский университет) за консультации по процессам в лесных почвах и помощь в сборе данных.

Программный продукт создан при поддержке грантов РФФИ № 15-04-08712А, № 16-34-00670мол\_а и программы ФНИ государственных академий наук на 2013-2020 годы: пункт 54. Почва как компонент биосферы (формирование, эволюция, экологические функции).

### 1.4. Принцип работы и структура модели

Модель CAMPUS-S является индивидуально-ориентированной решетчатой имитационной моделью с пространством, представленным в явном виде. Модель сочетает в себе несколько техник моделирования: техника L-систем (видоспецифичные признаки, обусловленные генотипом, задаются как входные данные), клеточно-автоматное моделирование (реализация схемы развития особи зависит от условий среды и взаимодействия между особями) и матричное моделирование (переходы между онтогенетическими состояниями задаются с помощью модифицированной матрицы Лесли (Leslie, 1945)). Минимальный пространственный шаг модели составляет  $1\text{ см}^2$ , временной шаг равен одному месяцу.

Модель CAMPUS-S состоит из двух основных блоков – блока моделирования динамики популяций растений и блока моделирования динамики биофильных элементов (углерода и азота) в растениях травянисто-кустарничкового яруса и почве.

Для работы блока моделирования динамики популяций растений необходим ввод различных видоспецифичных параметров моделируемых видов. К таким характеристикам относятся данные об отдельных онтогенетических состояниях особей моделируемых видов (проекция надземной и подземной частей, длительность состояний, смертность и др.), вероятностях переходов между онтогенетическими состояниями и диапазоне толерантности вида по отношению к основным экологическим факторам (температура, влажность, освещенность, почвенное богатство).

Для вычисления продуктивности каждой счетной единицы рассчитывается ее потенциально возможный прирост биомассы в текущем месяце. Чистая первичная продукция при максимальной интенсивности фотосинтеза, являющаяся видоспецифичной характеристикой, редуцируется под влиянием комплекса экологических факторов (освещенность под пологом, температура и влажность органического горизонта почвы, количество азота, доступного растениям).

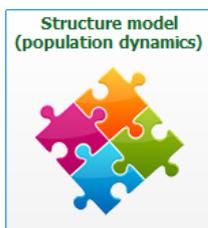
### 1.5. Установка программы и подготовка к работе

Минимальные системные требования:

- Процессор CPU – 1.8GHz или выше.
- Оперативная память RAM – 1 Гб для Windows XP, 1.5 Гб для Windows Vista/7/8/10.
- 100 Мб свободного места на жёстком диске (HDD).
- Операционная система – Windows XP /Vista /7 /8/10.

Модель CAMPUS-S представлена портативным программным продуктом, не требующим установки. Для работы с программой достаточно распаковать скачанный с сайта zip архив в любую удобную папку и запустить файл «*CAMPUS.exe*».

При запуске программы предоставляется выбор режима работы. «*Structure model (population dynamics)*», далее Структурный режим, предназначен для исследования роста и онтогенетического развития растений без учета динамики биомассы и баланса биогенных элементов.



«*Full model (with C and N cycles)*», далее Продукционный режим, включает все возможности Структурного режима, а также позволяет моделировать круговорот углерода и азота в системе «растения травянисто-кустарничкового яруса – почва». Для выбора режима работы с моделью нажмите соответствующую кнопку.



## 2. Ввод данных в ручном режиме

### 2.1. Конструирование онтогенеза

- 1) Откройте форму конструирования онтогенеза, нажав кнопку 
- 2) В выпадающем меню выберите цвет, которым при моделировании будут обозначаться надземные части особей данного вида. Желательно выбирать темные цвета, т.к. подземная часть растения обозначается цветом на 30% светлее выбранного для надземной части. Черный и серый цвета выбирать не рекомендуется, поскольку они зарезервированы для отметки пробуждающихся почек и отмирающих частей растения при конструировании онтогенеза.

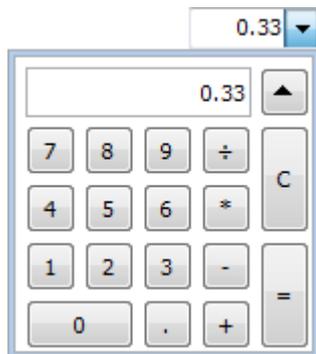


- 3) Нажмите кнопку «**Add species**» для создания пустого бланка онтогенеза
- 4) Введите название вида («**Species name**») и масштаб схемы онтогенеза «**Cell size, width=height, sm**» (размер в см, которому будет соответствовать 1 ячейка на схеме). Масштаб схемы онтогенеза для всех моделируемых видов должен быть одинаковым.
- 5) Введите диапазоны толерантности (минимум и максимум) вида к температуре (°C) и влажности подстилки (объемные %), заполнив таблицу в нижней части формы. Если данные значения неизвестны, в качестве минимального значения поставьте 0, а максимального 100.

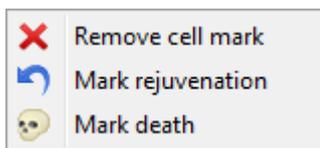
	Moisture, V%	Temperature, °C
Minimum	0.00	0.00
Maximum	100.00	40.00

влажности подстилки (объемные %), заполнив таблицу в нижней части формы. Если данные значения неизвестны, в качестве минимального значения поставьте 0, а

- 6) Нажмите кнопку «**Start**» для того, чтобы приступить к конструированию онтогенеза (создание схемы начинается с состояния семени).
- 7) Если для растений моделируемого вида характерно вегетативное размножение, отметьте «**Rejuvenation to**» и выберите из выпадающего списка онтогенетическое состояние, до которого должно происходить омоложение при вегетативном размножении.
- 8) Введите длительность онтогенетического состояния («**Duration**») и характерную для него смертность («**Mortality**»). Длительность онтогенетического состояния указывается в долях вегетационного периода (например, при длительности вегетационного периода 6 месяцев, 1 месяц будет равен 0.166 вегетационного периода, 2 месяца 0.333, 3 месяца 0.5 и т.д.), смертность указывается в долях единицы. Для удобства расчета длительностей онтогенетических состояний в долях вегетационного периода в соответствующее поле ввода интегрирован выпадающий калькулятор.



- 9) На поле конструирования нарисуйте проекции надземной (на панели «**Part of plant**» выберите «**Aboveground**») и подземной («**Belowground**») частей растения в данном онтогенетическом состоянии. Для этого кликните левой кнопкой мыши сначала на уже отрисованную ячейку а затем на ячейку, до которой нужно провести линию. В случае ошибочно отмеченной ячейки кликните на нее правой кнопкой мыши и выберите в контекстном меню «**Remove cell mark**» (это действие доступно только для



ячеек, отмеченных в текущем онтогенетическом состоянии). Для отметки отмирания отдельных частей растения кликните на ячейку, которая должна отмереть, правой кнопкой мыши и выберите в контекстном меню «*Mark death*».

- 10) Для отметки пробуждающихся спящих почек, из которых происходит вегетативное размножение в текущем онтогенетическом состоянии, кликните правой кнопкой мыши на ячейку и выберите в контекстном меню «*Mark rejuvenation*».
- 11) Для перехода к следующему онтогенетическому состоянию нажмите кнопку «*Next*».
- 12) Выполните пункты 8 – 11 для каждого онтогенетического состояния, после заполнения всех необходимых данных о сенильном состоянии, нажмите кнопку «*Stop*».
- 13) В случае конструирования онтогенеза для вида, способного к вегетативному размножению, после нажатия кнопки «*Stop*» будет предложено («*Do you want to duplicate genet ontogeny for ramet?*») либо скопировать онтогенез семенной особи для особи вегетативного происхождения, либо сконструировать его заново. При выборе «*Yes*» конструирование онтогенеза заканчивается, при выборе «*No*» необходимо выполнить пункты 6 – 12 для каждого онтогенетического состояния особи вегетативного происхождения.
- 14) Заполните поле «*Comment to file*» (желательно, но не обязательно).
- 15) Для сохранения введенного онтогенеза на диск нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 16) При необходимости введите схемы онтогенезов для других моделируемых видов, выполнив пункты 2 – 15.
- 17) Нажмите кнопку «*Ok*» для закрытия конструктора онтогенеза и перехода к дальнейшему вводу входных данных.

## 2.2. Ввод продукционных характеристик (только в Продукционном режиме)

- 1) Откройте форму ввода продукционных характеристик, нажав кнопку 
- 2) Введите параметры функций отклика интенсивности фотосинтеза на температуру, влажность подстилки и содержание минерального азота в органическом горизонте почвы, заполнив таблицу. Для строк «*Temperature*» и «*Moisture*» значения минимума, оптимума и максимума подставляются автоматически (минимум и максимум копируются из таблицы диапазонов толерантности, заполненной ранее в Конструкторе онтогенеза, а значение оптимума рассчитывается как среднее арифметическое между минимумом и максимумом). Для этих факторов достаточно откорректировать оптимум и ввести значения «*alpha*». В строке «*Nitrogen*» все параметры заполняются вручную. Параметр *alpha*, отвечающий за скорость изменения интенсивности фотосинтеза при изменении значения фактора, подбирается на основе натуральных данных методом наименьших квадратов для функции

	Minimum	Optimum	Maximum	Alpha
Temperat., °C	5	22.5	40	0.2
Moisture, V%	5	50	95	2
Nitrogen, kg/m <sup>2</sup>	0	0	0	2

$$f(\varphi) = \left( \frac{\varphi - \varphi_{min}}{\varphi_{opt} - \varphi_{min}} \right)^{a(\varphi_{opt} - \varphi_{min})} * \left( \frac{\varphi_{max} - \varphi}{\varphi_{max} - \varphi_{opt}} \right)^{a(\varphi_{max} - \varphi_{opt})}$$

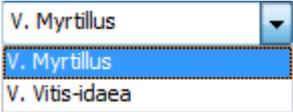
$\varphi$  – значение экологического фактора (температура, влажность или содержание минерального азота в подстилке),  $\varphi_{min}$  – минимальное значение фактора, при котором возможен фотосинтез,  $\varphi_{max}$  – максимальное значение фактора, при котором возможен фотосинтез,  $\varphi_{opt}$  – значение фактора, при котором интенсивность фотосинтеза максимальна.

- 3) Если моделируемый вид не является листопадным, отметьте «*species is evergreen*». В этом случае ежегодный опад листьев будет считаться равным 0.25 от общей массы листьев.
- 4) Введите параметры, характеризующие зависимость интенсивности фотосинтеза от доступной освещенности. Параметр « $P_{max}$ » – максимально возможная скорость фотосинтеза для моделируемого вида (микромоль\*м<sup>-2</sup>\*с<sup>-1</sup>), « $Km$ » – константа полунасыщения; интенсивность света, при которой скорость фотосинтеза равна половине « $P_{max}$ » (микромоль\*м<sup>-2</sup>\*с<sup>-1</sup>).
- 5) Передвигая ползунок,  выберите период вегетационного сезона, в течение которого происходит формирование и созревание семян.
- 6) Введите органы (компарменты), между которыми будет распределяться прирост (например, листья, стебли, плоды, ризомы, тонкие корни). Для этого укажите название компармента в поле «*Compartment name*» и нажмите кнопку «*Add*». Для того чтобы удалить ошибочно введенный компармент, выберите соответствующую строку в таблице (нажав левой кнопкой мыши на ячейку «*Rank*») и нажмите «*Delete*».
- 7) После добавления всех компарментов, для каждого из них
  - a. выберите расположение, кликнув на соответствующую ячейку в столбце «*Location*»
  - b. укажите ранг в столбце «*Rank*» (0 для органа с максимальной биомассой, далее по уменьшению)
  - c. концентрацию азота в живом (столбец «*N in plant*») и опавшем (столбец «*N in fall*») органе в процентах
  - d. выберите период наибольшего прироста, кликнув на соответствующую ячейку в столбце «*Increment*» («*In spring*» - в начале вегетационного периода, «*Twice a year*» - в начале и конце вегетационного периода, «*All year*» - равномерно в течение всего вегетационного периода, «*As fruits*» - с начала вегетации в течение периода, указанного в пункте 4)
  - e. выберите период опада, кликнув на соответствующую ячейку в столбце «*Fall off*» («*In autumn*» - в конце вегетационного периода, «*All year*» - равномерно в течение всего вегетационного периода, «*As in scheme*» - опад происходит только при отмирании в соответствии со схемой онтогенеза)
- 8) Введите коэффициенты «*a*» и «*b*» для функции распределения прироста между компарментами. Коэффициент «*a*» соответствует доле массы органа с наибольшей биомассой в общей биомассе растения, коэффициент «*b*» определяет скорость снижения биомассы органов по мере увеличения их ранга. Коэффициент «*b*»

подбирается на основе натуральных данных методом наименьших квадратов для функции  $y[i] = a * b^i$ , где  $i$  – ранг органа,  $y[i]$  – доля биомассы органа в биомассе всей особи.

- 9) Для сохранения введенных продукционных характеристик на диск нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 10) Если моделируемых видов растений больше одного, выберите следующий вид, переключая вкладки в верхней части формы, и выполните пункты 2 – 9.
- 11) После ввода продукционных характеристик для всех моделируемых видов нажмите кнопку «*Ok*» для перехода к дальнейшему вводу входных данных.

### 2.3. Заполнение матрицы переходов между онтогенетическими состояниями

- 1) Откройте форму ввода матриц переходов между онтогенетическими состояниями, нажав кнопку 
- 2) Заполните построчно таблицу, вводя вероятности переходов из онтогенетического состояния, обозначенного в строке в онтогенетическое состояние, обозначенное в столбце. Вероятности указываются в долях единицы, при этом сумма вероятностей в каждой строке должна быть равна 1.
- 3) Для сохранения введенной матрицы переходов на диск нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 4) Если моделируемых видов растений больше одного, выберите следующий вид из выпадающего списка и выполните пункты 2 – 3.  

- 5) После заполнения матриц переходов между онтогенетическими состояниями для всех моделируемых видов нажмите кнопку «*Ok*» для перехода к дальнейшему вводу входных данных.

### 2.4. Ввод характеристик среды обитания и инициализационных параметров

- 1) Откройте форму ввода характеристик среды и инициализационных параметров, нажав кнопку 
- 2) Загрузите файл характеристик почвенного климата (температуры и влажности подстилки и минеральной почвы), нажав кнопку «*Climate*» и выбрав файл \*.clf (выходной файл из модели SCLISS).
- 3) Введите разброс для температуры (поле «*Temperature variation*», °C) и влажности (поле «*Moisture variation*», %) подстилки.
- 4) Загрузите карту освещенности, нажав кнопку «*Light*» и выбрав файл \*.lmap (выходной файл из модели EFIMOD)

- 5) Загрузите карту микрорельефа, нажав кнопку «*Microrelief*» и выбрав файл \*.tmap. Данный файл представляет собой таблицу относительных высот и генерируется в сторонних приложениях, либо вводится вручную на основе натуральных данных в любом табличном редакторе (например, Microsoft EXCEL). Подробнее о создании этого и других входных файлов смотрите в Приложении 1.
- 6) Загрузите файл начальных почвенных характеристик (только в Продукционном режиме), нажав кнопку «*Soil*» и выбрав файл \*.tom (входной файл для модели динамики органического вещества почвы ROMUL).
- 7) При необходимости откорректируйте имя, под которым будут сохранены результаты моделирования в поле «*Name of the output file*». По умолчанию в качестве имени подставляется время создания проекта в формате «чч.мм.сс»
- 8) Задайте размер поля для моделирования (в количестве ячеек), заполнив поля «*Number of cells horizontally*» и «*Number of cells vertically*». Размер поля не может быть меньше, чем 50x50 ячеек и больше, чем размер площадки во входном файле освещенности и / или микрорельефа.
- 9) Включите опцию «*Manual random seed*» и введите любое целочисленное значение в соответствующее поле, если необходимо исключить погрешности, связанные со случайным распределением, в серии модельных экспериментов. При включенной опции генератор псевдослучайных чисел будет создавать одинаковую последовательность чисел при каждом запуске моделирования, следовательно, все вероятностные процессы будут повторяться при каждой сессии моделирования.
- 10) При необходимости введите комментарий к текущему сценарию моделирования в поле «*Comment to the simulation*».
- 11) Введите начальное количество семян для каждого моделируемого вида в поле «*Initial count of seeds*» (значение по умолчанию 0). Для выбора вида используйте выпадающий список, расположенный выше.
- 12) Нажмите кнопку «*Ok*» для того, чтобы завершить ввод входных данных и приступить к моделированию

### 3. Ввод данных в полуавтоматическом режиме

#### 3.1. Загрузка ранее подготовленных файлов онтогенеза

- 1) Откройте форму конструирования онтогенеза
- 2) Нажмите кнопку «*Open*», выберите один или несколько файлов с сохраненными ранее схемами онтогенезов и нажмите «*Открыть*».
- 3) При необходимости отредактируйте схемы онтогенеза, используя приемы, описанные в разделе 2.1. Для переключения между видами используйте стрелки (↕) в поле «*Species's ontogeny*», для переключения между онтогенетическими состояниями используйте стрелки в поле «*Current age status*».
- 4) После изменения схем или характеристик какого-либо онтогенетического состояния обязательно (!!!) перейдите к любому другому онтогенетическому состоянию для применения изменений.

- 5) Для сохранения измененного онтогенеза на диске нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 6) Нажмите кнопку «*Ok*» для закрытия конструктора онтогенеза и перехода к дальнейшему вводу входных данных.

### **3.2. Загрузка ранее подготовленных файлов продукционных характеристик (только в Продукционном режиме)**

- 1) Откройте форму ввода продукционных характеристик
- 2) Нажмите кнопку «*Open*», выберите файл с сохраненными ранее продукционными характеристиками и нажмите «*Открыть*».
- 3) При необходимости отредактируйте продукционные характеристики, используя приемы, описанные в разделе 2.2.
- 4) Для сохранения измененных продукционных характеристик на диск нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 5) Если моделируемых видов растений больше одного, выберите следующий вид, переключая вкладки в верхней части формы, и повторите пункты 2 – 4.
- 6) После ввода продукционных характеристик для всех моделируемых видов нажмите кнопку «*Ok*» для перехода к дальнейшему вводу входных данных.

### **3.3. Загрузка ранее подготовленных матриц переходов между онтогенетическими состояниями**

- 1) Откройте форму ввода матриц переходов между онтогенетическими состояниями
- 2) Нажмите кнопку «*Open*», выберите файл с сохраненной ранее матрицей переходов и нажмите «*Открыть*».
- 3) При необходимости отредактируйте матрицу переходов между онтогенетическими состояниями, используя приемы, описанные в разделе 2.3.
- 4) Для сохранения измененной матрицы переходов на диск нажмите кнопку «*Save*», в открывшемся окне выберите расположение, введите название сохраняемого файла и нажмите «*Сохранить*».
- 5) Если моделируемых видов растений больше одного, выберите следующий вид из выпадающего списка, и повторите пункты 2 – 4.
- 6) После ввода матриц переходов между онтогенетическими состояниями для всех моделируемых видов нажмите кнопку «*Ok*» для перехода к дальнейшему вводу входных данных.

### **3.4. Ввод характеристик среды обитания и инициализационных параметров**

При вводе характеристик среды обитания и инициализационных параметров используйте приемы, описанные в разделе 2.4.

## 4. Ввод данных в автоматическом режиме

- 1) Нажмите кнопку  и выберите подготовленный ранее файл проекта для загрузки видоспецифичных характеристик и параметров среды. Схемы онтогенеза, продукционные характеристики (только в Продукционном режиме), матрицы переходов между онтогенетическими состояниями, характеристики почвенного климата, карты освещенности и микрорельефа, а также начальные почвенные характеристики (только в Продукционном режиме) загрузятся автоматически из файлов, указанных в проекте.
- 2) Введите все недостающие данные и перейдите к моделированию, руководствуясь пунктами 3, а также 7–12 из раздела 3.4.

## 5. Выполнение моделирования

### 5.1. Запуск и прерывание моделирования

- 1) Настройте комфортный для зрительного восприятия масштаб поля, используя ползунок «*Scale*» ().
- 2) Выставьте в желаемое положение переключатель «*Detailed view*», отвечающий за переключение режимов визуализации процесса моделирования между обычным (более быстрым) и расширенным (более подробным) режимами. В обычном режиме визуализация происходит только после выполнения текущего задания, в расширенном на каждом шаге. Также в расширенном режиме возможен просмотр графиков, описывающих различные характеристики моделируемых ценопопуляций.
- 3) Для запуска моделирования введите необходимое число шагов (месяцев) в поле и нажмите кнопку запуска . Число шагов моделирования не может быть больше, чем количество месяцев, записанных в климатическом файле, либо чем число лет, умноженное на 12 в файле освещенности.
- 4) В процессе выполнения задания отображается доля выполнения задания  (105 / 599) (рассчитанное / общее количество шагов в задании). Если необходимо прервать выполнение текущего задания, нажмите кнопку .
- 5) При необходимости повторите пункт 3.
- 6) После выполнения моделирования на нужное число шагов, нажмите кнопку очистки поля  для изменения настроек и повторного запуска моделирования, либо закройте окно программы для завершения работы с моделью. Вне зависимости от выбранного действия, результаты моделирования будут автоматически сохранены. Подробнее структура сохраняемых данных описана в разделе 5.3.

### 5.2. Визуализация процесса и результатов моделирования.

Для выбора режима отображения информации на поле визуализации процесса моделирования, выберите интересующую Вас вкладку.

- 1) Вкладка «**Structure**» отображает пространственное расположение особей на поле (как надземную, так и подземную части) на текущем шаге
- 2) Вкладка «**Light**» отображает пространственное распределение освещенности под пологом на текущем шаге
- 3) Вкладка «**Temperature**» отображает пространственное распределение температуры подстилки
- 4) Вкладка «**Moisture**» отображает пространственное распределение влажности подстилки
- 5) Вкладка «**Nitrogen**» отображает пространственное распределение минерального азота в подстилке (доступна только в Продукционном режиме)
- 6) Вкладка «**Biomass**» отображает пространственное распределение биомассы растений ТКЯ (доступна только в Продукционном режиме)
- 7) Вкладка «**Summary**» отображает для каждого моделируемого вида графики популяционной динамики, а также возрастные спектры (а) по проективному покрытию, (б) по числу особей, а также (в) по биомассе (только в Продукционном режиме) за последние 10 шагов (доступна только при активации переключателя «**Detailed view**»)

Для получения информации о значениях факторов среды в конкретной ячейке или объекте, находящемся в ней, выберите ячейку в блоке визуализации процесса моделирования кликом левой кнопки мыши. В зависимости от активной вкладки может быть получена следующая информация

- 1) «**Species name**» - видовая принадлежность особи, находящейся в ячейке, «**Ont. type**» - ее происхождение (семенное или вегетативное), «**State**» - онтогенетическое состояние, «**Age**» - календарный возраст в месяцах (вкладка «**Structure**»)
- 2)  - доступная ФАР в конкретной точке за текущий месяц, Моль (вкладка «**Light**»)
- 3)  - среднемесячная температура подстилки в конкретной точке, °C (вкладка «**Temperature**»)
- 4)  - среднемесячная объемная влажность подстилки в конкретной точке, % (вкладка «**Moisture**»)
- 5)  - содержание доступного растениям азота в почве в конкретной точке, кг/м<sup>2</sup> (вкладка «**Nitrogen**»)
- 6)  - биомасса растений ТКЯ в конкретной ячейке, кг (вкладка «**Biomass**»)

### 5.3. Сохранение результатов

При сохранении результатов моделирования (как промежуточных, так и финальных) в каталоге «Путь\_к\_программе\_CAMPUS\results» будет создана папка с именем, указанным ранее (3.4.7). В созданную папку будут сохранены:

- а) данные о числе особей с разделением на виды и онтогенетические состояния на каждом шаге моделирования (файл «Count\_число\_шагов.csv»)

- b) данные о проективном покрытии с разделением на виды и онтогенетические состояния на каждом шаге моделирования (файл «Cover\_число\_шагов.csv»)
- c) данные о суммарной биомассе всех особей на площадке с разделением на виды и онтогенетические состояния на каждом шаге моделирования (только в Продукционном режиме, файл «Biomass\_число\_шагов.csv»)
- d) данные о содержании углерода и азота в различных подгоризонтах почвы на каждом шаге моделирования (только в Продукционном режиме, файл «Soil\_число\_шагов.csv»)

Для сохранения промежуточных результатов моделирования, нажмите кнопку .

Для сохранения графиков возрастных спектров в виде изображений

- a. Перейдите на вкладку «*Summary*»
- b. Выберите интересующий вид растения   V. Myrtillus   V. Vitis-idaea
- c. Выберите интересующий тип графика (проективное покрытие, число особей, либо биомасса)
- d. Нажмите кнопку , введите имя файла сохраняемого графика и выберите нужный формат файла (\*.bmp, \*.jpg, \*.png, \*.pdf).

Для записи динамики онтогенетических спектров в видеофайл в формате \*.avi

- a. Выберите интересующий вид растения
- b. Выберите интересующий тип графика (проективное покрытие, число особей, либо биомасса)
- c. Перед запуском моделирования нажмите кнопку  и введите имя файла видеозаписи.
- d. Выполните моделирование на необходимое число шагов
- e. Нажмите кнопку  для остановки записи.