



Master Thesis

im Rahmen des
Universitätslehrganges „Geographical Information Science & Systems“
(UNIGIS MSc) am Interfakultären Fachbereich für GeoInformatik (Z_GIS)
der Paris Lodron-Universität Salzburg

zum Thema

„Replikation eines individual-based Modells zum Thema Mastjahre“

vorgelegt von

B.Sc. Sarah Rieche
104584, UNIGIS MSc Jahrgang 2016

Betreuer/in:

Prof. Dr. Gudrun Wallentin

Zur Erlangung des Grades

„Master of Science (Geographical Information Science & Systems) – MSc(GIS)“

Hannover, 27.08.2019

Erklärung der eigenständigen Abfassung der Arbeit

Ich versichere, diese Master Thesis ohne fremde Hilfe und ohne Verwendung anderer als der angeführten Quellen angefertigt zu haben, und dass die Arbeit in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegen hat. Alle Ausführungen der Arbeit, die wörtlich oder sinngemäß übernommen wurden, sind entsprechend gekennzeichnet.

Hannover, August 2019

Sarah Rieche

Zusammenfassung

Die Verwendung von Modellen gehört zu einem unerlässlichen Bestandteil der ökologischen Forschung. Viele Modelle werden aber nur von den ursprünglichen Entwicklern verwendet und reproduziert. Modellreplikation ist nicht weit verbreitet, obwohl sie das Vertrauen in die Aussagen des Modells steigert. Diese wissenschaftliche Arbeit liefert einen wertvollen Beitrag zur Durchführung von Replikationen bei Individual-based Modellen.

Es wurde ein Modell zum Thema Mastjahre repliziert. Das Originalmodell wurde in der Programmiersprache NetLogo verfasst und das replizierte Modell in der Programmiersprache GAML. Die Ergebnisse der Modelle wurden miteinander verglichen und bewertet. Obwohl die Unterschiede der Modelle statistisch relevant sind, zeigen die beiden Modelle doch dieselben Tendenzen. Aus den Daten der Modelle lassen sich die gleichen Schlussfolgerungen zur Hypothese der Räubersättigung beim Auftreten von Mastjahren ziehen. Dies stärkt die Aussagekraft des Originalmodells.

Die Unterschiede zwischen den Modellen lassen sich vermutlich auf die unterschiedliche Syntax der Programmiersprachen zurückführen. Die Arbeit unterstreicht die Wichtigkeit von Modellreplikationen und die Notwendigkeit der Dokumentation von Modellen. Nur eine umfangreiche Dokumentation ermöglicht es Modelle replizieren und analysieren zu können.

Abstract

The use of models is an indispensable part of ecological research. Many models are only used and reproduced by the original developers. Model replication is not widely used, although it increases confidence in the results of the model. The present academic work thus makes an important scientific contribution to advancing the use replicating individual-based models.

A mast seeding model was replicated. The original model was developed in the programming language NetLogo. The replicated model however was written in the programming language GAML. The model results were compared and evaluated. Although the differences between the models are statistically relevant, the two models show similar tendencies. The same conclusions can be drawn on the hypothesis of predator saturation. This strengthens the informative value of the original model.

The differences between the models are probably due to the different syntax of the programming languages. The work emphasizes the importance of model replication and the need to document models. Only extensive documentation allows models to be replicated and analyzed.

Inhaltsverzeichnis

Erklärung der eigenständigen Abfassung der Arbeit.....	I
Zusammenfassung.....	II
Abstract	III
Abbildungsverzeichnis.....	VI
Tabellenverzeichnis	VII
1. Einleitung.....	1
2. Methodik	3
2.1 Individual-based Modeling (IBM)	3
2.2 Verwendete Software und Programmiersprachen	4
2.2.1 NetLogo	4
2.2.2 GAMA	6
2.2.3 RStudio	7
2.3 Modellbeschreibung.....	8
2.3.1 Konzept.....	8
2.3.2 Einheiten, Variablen und Maßstab.....	9
2.3.3 Prozesse und Ablauf	11
2.3.4 Designkonzepte	12
2.3.5 Initialisierung	16
2.3.6 Submodelle.....	16
2.4 Replikation.....	18
2.4.1 Replikation im Allgemeinen.....	18
2.4.2 Beschreibung der Replikation	19
2.4.3 Bewertung der Replikation.....	20
3. Ergebnisse.....	23
3.1. Szenario mit und ohne Mastjahre	23
3.2. Szenario Mastfrequenz (n_v) variiert	33
3.3. Szenario Samenverhältnis ($prop$) variiert.....	39
3.4. Szenario maximale Anzahl der essbaren Samen (S_{max}) variiert.....	44
3.5. Szenario Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse ($pred$) variiert.....	49
3.6. Zusammenfassung.....	55
4. Diskussion.....	56
4.1. Numerische Äquivalenz.....	56
4.2. Distributive Äquivalenz.....	56
4.3. Relationale Äquivalenz	56
4.4. Mögliche Gründe für die Unterschiede zwischen den Modellen.....	56

5. Schlussfolgerung.....	58
Literaturverzeichnis.....	59
Anhang	I
A. Link zum Download des replizierten Modells	I
B. GAML-Sourcecode des replizierten Modells.....	I

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Bild des Originalmodells von Tamburino und Bravo.....	5
Abbildung 2: Darstellung der RStudio 1.0.136 Entwicklungsumgebung	7
Abbildung 3: Darstellung der Räubersättigungshypothese.	8
Abbildung 4: Darstellung der Attribute und Reflexe der Agenten des replizierten Modells.	12
Abbildung 5: Darstellung des Hauptexperiments.	14
Abbildung 6: Darstellung des Graphen als Teil des Hauptexperiments.....	15
Abbildung 7: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells.....	23
Abbildung 8: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells.....	24
Abbildung 9: Graphen der Agentenentwicklung für je eine Simulation im replizierten Modell.....	24
Abbildung 10: Graphen der Agentenentwicklung für je eine Simulation im Originalmodell.....	25
Abbildung 11: Dichtefunktion des Durchschnitts der Mäuse mit den Werten aus dem replizierten Modell im Szenario ohne Mastjahre.	25
Abbildung 12: Dichtefunktion des Durchschnitts der Mäuse mit den Werten aus dem Originalmodell im Szenario ohne Mastjahre.	26
Abbildung 13: Dichtefunktion der maximalen Anzahl der Mäuse mit den Werten aus dem Originalmodell im Szenario ohne Mastjahre.....	26
Abbildung 14: Dichtefunktion der maximalen Anzahl der Mäuse mit den Werten aus dem replizierten Modell im Szenario ohne Mastjahre.	26
Abbildung 15: Vergleich der Mittelwerte des Maximums der Baumanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.	29
Abbildung 16: Vergleich der Mittelwerte des Minimums der Baumanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen	29
Abbildung 17: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	30
Abbildung 18: Vergleich der Mittelwerte des Maximums der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	30
Abbildung 19: Vergleich der Mittelwerte des Minimums der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	31
Abbildung 20: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	32
Abbildung 21: Vergleich der Mittelwerte des Maximums des Besiedlungsindex im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	32
Abbildung 22: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.....	33
Abbildung 23: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Mastfrequenz.	34
Abbildung 24: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Mastfrequenz.	34
Abbildung 25: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Mastfrequenz	37
Abbildung 26: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Mastfrequenz	38
Abbildung 27: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Mastfrequenz .	38
Abbildung 28: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit verändertem Samenverhältnis.....	39
Abbildung 29: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit verändertem Samenverhältnis.	40
Abbildung 30: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (prop).....	43
Abbildung 31: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (prop).....	43

Abbildung 32: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (prop).....	44
Abbildung 33: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Samenanzahl (S_{max}).....	45
Abbildung 34: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Samenanzahl (S_{max}).....	45
Abbildung 35: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).....	48
Abbildung 36: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).....	48
Abbildung 37: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).....	49
Abbildung 38: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Todeswahrscheinlichkeit (pred).....	50
Abbildung 39: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Todeswahrscheinlichkeit (pred).....	50
Abbildung 40: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (pred).....	53
Abbildung 41: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (pred).....	54
Abbildung 42: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (pred).....	54

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Attribute der Agenten und deren Beschreibung.....	9
Tabelle 2: Veränderbare Parameter des Modells.....	10
Tabelle 3: Prozesse des Modells und bei welchem Zeitschritt sie auftreten.....	11
Tabelle 4: Unterschiede zwischen dem Originalmodell und dem replizierten Modell.....	19
Tabelle 5: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des ersten Szenarios.....	27
Tabelle 6: Mittelwerte der Variablen des ersten Szenarios des Original- und replizierten Modells. ...	28
Tabelle 7: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des zweiten Szenarios mit veränderter Mastfrequenz.....	35
Tabelle 8: Mittelwerte der Variablen des zweiten Szenarios des Original- und replizierten Modells..	36
Tabelle 9: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des dritten Szenarios mit verändertem Samenverhältnis.....	41
Tabelle 10: Mittelwerte der Variablen des dritten Szenarios des Original- und replizierten Modells.	42
Tabelle 11: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des vierten Szenarios mit veränderter Samenanzahl.....	46
Tabelle 12: Mittelwerte der Variablen des vierten Szenarios des Original- und replizierten Modells.	47
Tabelle 13: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des fünften Szenarios mit veränderter Samenanzahl.....	52
Tabelle 14: Mittelwerte der Variablen des fünften Szenarios des Original- und replizierten Modells.	53

1. Einleitung

Um die zugrunde liegenden Prozesse und Muster von geographischen Systemen besser zu verstehen können Verfahren zur räumlichen und zeitlichen Modellierung verwendet werden (Dragičević 2008, S. 415). Die Verwendung von Modellen ist dabei zu einem unerlässlichen Bestandteil der ökologischen Forschung geworden (Thiele und Grimm 2015).

Individual-based Modeling (IBM) ist eine Methode zur Modellierung von ökologischen Zusammenhängen durch die Verwendung von einzelnen Entitäten (Bithell et al. 2008, S. 629). Diese Modelle bilden autonome Individuen ab, die mit einer Sammlung von logischen Regeln ausgestattet sind, so kann sehr komplexes Verhalten wiedergegeben werden (Bithell et al. 2008, S. 635). Gemessen wird das Systemverhalten über die Zeit, das aus den Handlungen der einzelnen Agenten resultiert (Crooks et al. 2008, S. 417).

Die meisten dieser Modelle wurden allerdings von niemandem als dem originären Entwickler reproduziert (Wilensky und Rand 2007). Replikation ist eine entscheidende Komponente der wissenschaftlichen Methode (Wilensky und Rand 2007). Die Replikation eines physischen Experiments beweist, dass dieses wiederholbar ist und kein einmaliges Event darstellt. Bei einem Modell kommt noch hinzu, dass das Vertrauen in die Verifikation steigt, die Validierung des ursprünglichen Modells überprüft wird und das Verständnis über die Modellentwicklung steigt (Wilensky und Rand 2007). Ein anderer Aspekt der Replikation ist die Robustheitsanalyse, zu der die Überprüfung gehört ob die Resultate des Modells robust gegenüber Veränderungen sind (Thiele und Grimm 2015).

Hier soll ein Modell von Tamburino und Bravo repliziert werden. Das individual-based Modell beschäftigt sich mit der Hypothese der Räuber Sättigung beim Auftreten von Mastjahren (Tamburino und Bravo 2013). Die episodische und synchrone Samenproduktion tritt bei einer Vielzahl von Pflanzenspezies auf (Wolff 1996). Nach dieser Hypothese werden durch das massenhafte Auftreten von Samen die Samenfresser übersättigt und zerstören somit nur einen geringen Anteil der Samen (Tamburino und Bravo 2013). Mit dem Modell lässt sich ein Szenario in dem Mastjahre auftreten mit einem Szenario ohne Mastjahre vergleichen, die Agenten dabei sind Bäume und Mäuse (Tamburino und Bravo 2013).

Das Ziel der Arbeit ist es das hier beschriebene Modell von Tamburino und Bravo zu replizieren. Der erste Teilschritt ist dabei die Replikation des vorhandenen Modells in einer anderen Programmiersprache. Als letzter Schritt soll analysiert werden ob die Ergebnisse reproduzierbar sind.

Die Forschungsfrage dieser Arbeit ist daher: Lässt sich das Modell replizieren und sind die Ergebnisse des Originalmodells mit den Ergebnissen des replizierten Modells vergleichbar oder gibt es signifikante Unterschiede?

Das „Mast seeding model“ wurde in der Programmiersprache NetLogo und mit der Plattform NetLogo 5.0.1 programmiert (Tamburino und Bravo 2013). Die Reproduktion des Modells soll mit der Plattform GAMA 1.8 und der Programmiersprache GAML durchgeführt werden (Grignard et al. 2013).

2. Methodik

2.1 Individual-based Modeling (IBM)

Modelle sind vereinfachte Darstellung der Wirklichkeit, die entwickelt wurden um einen bestimmten Aspekt der Wirklichkeit zu erforschen (O'Sullivan und Perry 2013, S. 29). Simulationsmodelle sind Computermodelle, in denen der Systemzustand iterativ berechnet wird, während er sich über die Zeit verändert in Übereinstimmung mit den das System beschreibenden Beziehungen (O'Sullivan und Perry 2013, S. 37).

Individual-based Modeling (IBM) ist eine Methode zur Modellierung von ökologischen Zusammenhängen (Bithell et al. 2008, S. 629). Bei dieser Form des computerbasierten Modellierens werden Phänomene durch Agenten und ihre Interaktionen dargestellt (Wilensky und Rand 2015, S. 1). In anderen Bereichen als der Ökologie wird der Begriff Agenten-basierte Modellierung verwendet (Grimm und Railsback 2005, S. 18).

IBM ist ein gutes Beispiel für den Bottom-Up-Ansatz, bei dem von unten nach oben modelliert wird (O'Sullivan und Perry 2013, S. 51). Durch diesen Ansatz ist es möglich das Schicksal einzelner Agenten zu verfolgen oder das Gesamtergebnis der Simulation zu betrachten (Wilensky und Rand 2015, S. 33). Auf diese Weise kann auch sehr komplexes Verhalten wiedergegeben werden (Bithell et al. 2008, S. 635). Gemessen wird das Systemverhalten über die Zeit, das aus den Handlungen der einzelnen Agenten resultiert (Crooks et al. 2008, S. 417). Dadurch dass Modelle Experimente nicht an realen Systemen, sondern virtuellen durchführen können Hypothesen über das Systemverhalten in verschiedenen Gegebenheiten in einer kontrollierten Umgebung untersucht werden (O'Sullivan und Perry 2013, S. 17).

Die Hauptbestandteile von IBMs sind Agenten, Umgebung und Interaktionen (Wilensky und Rand 2015, S. 203). Ein Agent ist eine autonome Entität mit bestimmten Eigenschaften und Verhaltensweisen (Wilensky und Rand 2015, S. 1). Eigenschaften beschreiben den inneren und äußeren Zustand der Agenten und Verhaltensweisen, was die Agenten in der Lage sind zu tun (Wilensky und Rand 2015, S. 205).

IBM ist besonders nützlich, wenn die Agenten heterogen sind (z.B. durch Lage, Energie, Richtung) und diese Heterogenität das Systemverhalten beeinflusst (Wilensky und Rand 2015, S. 35). Die Agenten sind mit einer Sammlung von logischen Regeln ausgestattet (Bithell et al. 2008, S. 635). Obwohl Agenten die gleichen Regeln haben können, unterscheiden sich ihre Aktionen durch die räumlichen und zeitlichen Gegebenheiten (Wilensky und Rand 2015, S. 27–28). Durch das Verhalten der Agenten kann Unvorhergesehenes auf einer anderen Systemebene entstehen, z.B. Verhaltensmuster wie die Entstehung von Vogelschwärmen (Grimm und Railsback 2005, S. 74).

Die Umgebung ist die Landschaft mit der die Agenten interagieren, sie kann geometrisch, Netzwerk-basiert oder aus realen Daten kreiert sein (Wilensky und Rand 2015, S. 32). Der Unterschied zwischen Umgebung und Agenten ist fließend, da diese auch als Agent modelliert werden kann (Wilensky und Rand 2015, S. 203). Die Umgebung kann dabei aus einzelnen Agenten, z.B. Feldern, zusammengesetzt sein, so dass verschiedene Bereiche unterschiedliche Eigenschaften haben oder aus einem einzelnen Agenten bestehen mit globalen Eigenschaften und Verhaltensweisen (Wilensky und Rand 2015, S. 234–235).

Interaktionen können nicht nur zwischen Agenten und der Umgebung auftreten, sondern auch zwischen verschiedenen Agenten oder auch nur den internen Status eines einzelnen Agenten betreffen (Wilensky und Rand 2015, S. 203–204).

Weitere Bestandteile von IBMs sind das Beobachter/ User Interface und der Zeitplan (Schedule) (Wilensky und Rand 2015, S. 204). Der Beobachter (Observer) gibt den Agenten die Anweisung bestimmte Aufgaben auszuführen, das User Interface gibt wiederum dem Nutzer die Möglichkeit dem Observer Anweisungen zu geben was das Modell tun soll (Wilensky und Rand 2015, S. 204). Simulationen können auf verschiedene Weise durchgeführt werden, interaktiv oder in größerer Menge (Batch). Beim interaktiven Durchlauf kann der User mit dem Modell interagieren und z.B. Parameter verändern. (Wilensky und Rand 2015, S. 267). Batch-Experimente führen ein Skript aus, das die Simulation häufig wiederholt und so unter anderem verschiedene Parameterkombinationen testet (Wilensky und Rand 2015, S. 268).

Zeit ist in den meisten Modellen durch einzelne, regelmäßige Schritte dargestellt (Grimm und Railsback 2005, S. 109). Der Zeitplan wird vom Beobachter dazu genutzt die Agenten anzuweisen, wann sie wie handeln sollen (Wilensky und Rand 2015, S. 204). In der Regel wird zuerst die Initialisierungsprozedur durchgeführt, die die Agenten und die Umgebung erschafft und anschließend die Hauptschleife ausgeführt, die bestimmt was bei einem Zeitschritt passiert (Wilensky und Rand 2015, S. 268–269).

2.2 Verwendete Software und Programmiersprachen

2.2.1 NetLogo

Das Originalmodell wurde in der Programmiersprache NetLogo und mit der Plattform NetLogo 5.0.1 programmiert (Tamburino und Bravo 2013).

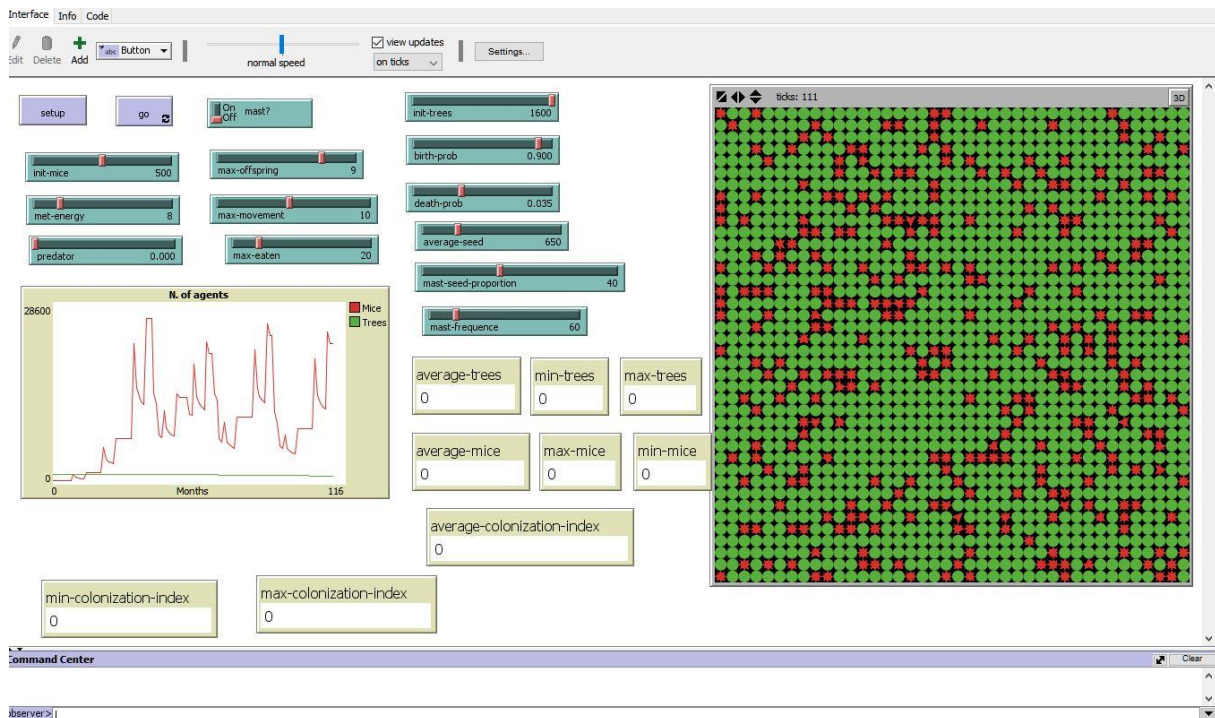


Abbildung 1: Bild des Originalmodells von Tamburino und Bravo.

NetLogo ist eine frei verfügbare open source Entwicklungsumgebung die speziell zur Erstellung von agenten-basierten Modellen geschaffen wurde (Donkin et al. 2017). Die Anwendung wurde in Java programmiert, allerdings werden die Modelle nicht direkt als Java Code geschrieben (Tisue und Wilensky). Die Programmiersprache NetLogo wurde in den 1990ern von Uri Wilensky aus der Sprache Logo entwickelt (Wilensky und Rand 2015, S. 14–15). Es handelt sich um eine universelle, leicht zugängliche agenten-basierte Modellierungssprache (Wilensky und Rand 2015, S. 14).

In NetLogo werden die prototypischen Agenten als "turtles" bezeichnet (Wilensky und Rand 2015, S. 15). Die Anwendung ist besonders für die Modellierung von komplexen Systemen geeignet, da hunderte oder tausende unabhängige Agenten gleichzeitig dargestellt werden können (Tisue und Wilensky). Agenten haben Eigenschaften und Verhaltensweisen, diese sind zum Teil schon angelegt (wie die Farbe der Agenten), können aber noch ergänzt werden (Wilensky und Rand 2015, S. 205–209).

Die Standardumgebung in NetLogo besteht aus einem Set an Feldern, die eigenständige Agenten sind und so Eigenschaften und Verhaltensweisen haben können, dabei können verschiedene Umgebungsanteile unterschiedliche Eigenschaften besitzen (Wilensky und Rand 2015, S. 234–235).

Die Initialisierungsprozedur wird als Setup bezeichnet. Sie prüft welche Parameter der User verändert hat und erzeugt dann die Agenten und Daten um einen Simulationsdurchlauf zu starten (Wilensky und Rand 2015, S. 268). Die Hauptschleife wird als GO-Prozedur bezeichnet, wenn diese

ausgeführt wird führen die Agenten ihre jeweiligen Aktionen aus (Wilensky und Rand 2015, S. 204). Im Standardfall wird ein Interaktiver Durchlauf gestartet, bei dem der User die Parameter verändern kann (Wilensky und Rand 2015, S. 267). Um ein Batch-Experiment auszuführen existiert ein besonderes Hilfsprogramm (BehaviorSpace Tool) oder die Möglichkeit mit einer Java Programmierschnittstelle das Modell zu kontrollieren (Wilensky und Rand 2015, S. 268). Das BehaviorSpace Tool gibt dem User die Möglichkeit, ein Modell mit den gleichen oder unterschiedlichen Parametern mehrfach auszuführen, dies ist besonders wichtig, wenn ein Modell stochastische Komponenten enthält um dessen typisches Verhalten darstellen zu können (Wilensky und Rand 2015, S. 191).

2.2.2 GAMA

Die Reproduktion des Modells wurde mit der Plattform GAMA 1.8 und der Programmiersprache GAML durchgeführt.

GAMA ist eine Simulationsplattform, die speziell für die Entwicklung von explizit räumlichen multi-Agenten Simulationen geschaffen wurde (Taillandier et al. 2012). Die Plattform entstand 2007 als open-source Projekt, das ebenso wie NetLogo eine leicht zugängliche Programmiersprache, GAML (Gama Modeling Language), hat (Grignard et al. 2013). GAML basiert auf XML und ist geeignet für das Erstellen komplexer Modelle, die Entitäten in verschiedenen Maßstäben und geographische Vektordaten beinhalten können (Taillandier et al. 2012). Ein Vorteil von GAMA ist, dass viele räumliche Analysemethoden angeboten werden, die in den Modellen genutzt werden können (Taillandier et al. 2012).

Agenten besitzen Attribute, Aktionen, Reflexe und bestimmte Populationseigenschaften, z.B. ihre räumliche Organisation (Topologie) (Taillandier et al. 2019). Attribute bestimmen welche Eigenschaften die Agenten haben (z.B. Alter, Farbe) und Aktionen, was die Agenten in der Lage sind zu tun (Taillandier et al. 2019). Ein Reflex ist ein Verhalten, das die Agenten einer Spezies unter bestimmten Bedingungen ausführen (Taillandier 2014). Es besteht auch die Möglichkeit Agenten mit einem Paket an Eigenschaften und Aktionen auszustatten, sogenannte Fähigkeiten (skills) (Taillandier et al. 2019). Weiterhin ist es machbar, dass eine Spezies Eigenschaften von einer anderen Elternspezies übernimmt (Taillandier et al. 2019). Agenten können sich auf einem Rastergitter, einem Graph oder in einer kontinuierlichen Umgebung bewegen (Grignard et al. 2013).

Der allgemeine Bereich des Modells ist ein eigener Agent, der die globalen Komponenten beinhaltet und unter anderem die Initialisierung durchführt (Taillandier et al. 2019). Modell und Experimente sind als Unterspezies dieses Weltagenten angelegt (Taillandier et al. 2019).

In GAML können verschiedene Experimente direkt erstellt werden, die jeweils unterschiedliche Daten darstellen oder speichern (Taillandier 2014). Ein Experiment verwaltet wie und mit welchen Parametern Simulationen ausgeführt werden und wie diese Ergebnisse dargestellt werden (Taillandier et al. 2019). Es wird zwischen Gui- und Batch-Experiment unterschieden. GUI-Experimente sind dafür gemacht, die Simulation zu erforschen und zu interpretieren, wohingegen Batch-Experimente die Simulation wiederholt durchlaufen lassen, insbesondere mit veränderten Parametern (Taillandier et al. 2019).

2.2.3 RStudio

Zur Analyse der Ergebnisse wurde die Software RStudio 1.0.136 verwendet. Die verwendete R Version ist 3.3.2 (31.10.2016).

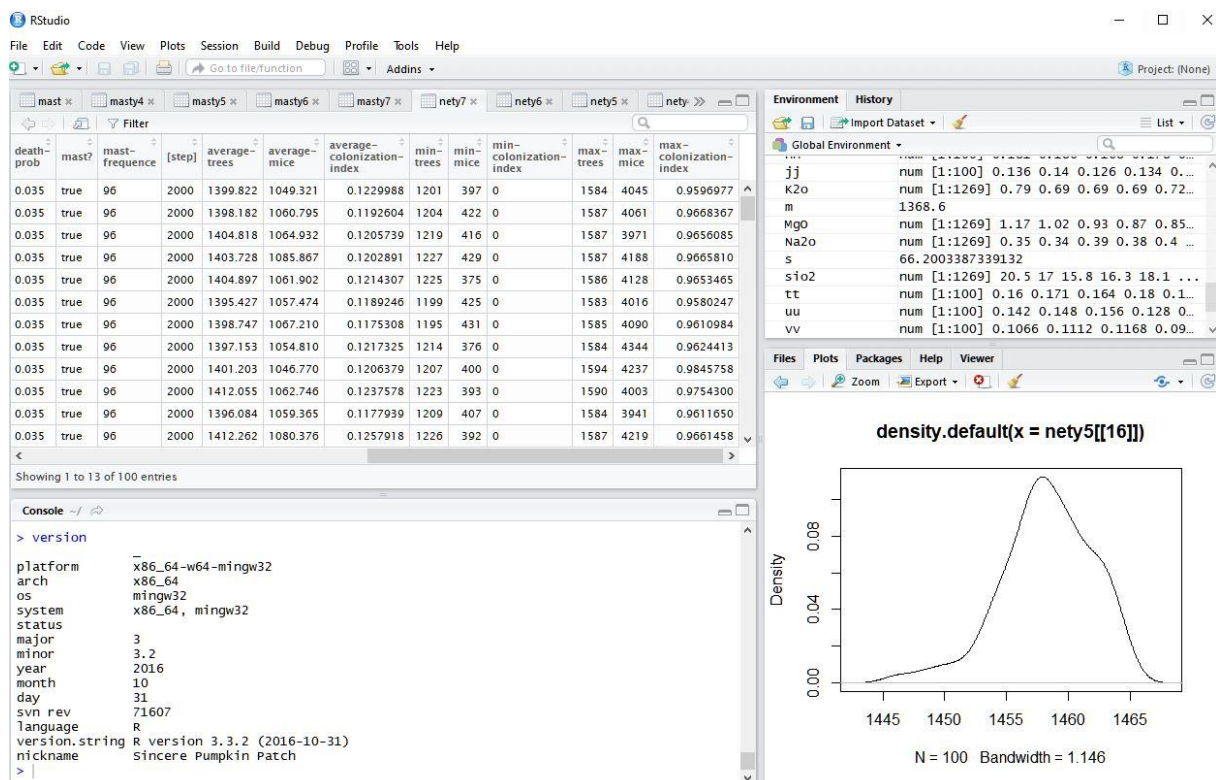


Abbildung 2: Darstellung der RStudio 1.0.136 Entwicklungsumgebung.

R ist eine Programmiersprache für Statistik und Graphiken (Verzani et al. 2011, S. 1). Das Open Source Software Projekt wurde von Robert Gentleman und Ross Ithaka gestartet (Verzani et al. 2011, S. 1). RStudio ist eine integrierte Entwicklungsumgebung um die durch Nutzer geschriebenen Funktionen leichter erstellen zu können (Verzani et al. 2011, S. 2). Sie enthält unter anderem eine Konsole um Befehle einzugeben, einen Sourcecode-Editor um die Projektdateien zu organisieren und weitere Fenster um zusätzliche Komponenten zu organisieren (Verzani et al. 2011, S. 3). RStudio kann vom Desktop aus genutzt werden oder mit Hilfe eines Servers als Webanwendung (Verzani et al. 2011, S. 4). Hier wurde die Desktop Version verwendet.

2.3 Modellbeschreibung

Im folgenden Abschnitt ist das replizierte Modell beschrieben. Die Beschreibung des Originalmodells findet sich im Artikel von Tamburino und Bravo (2013). Die Beschreibung des Modells orientiert sich am ODD (Overview, Design concepts, and Details) Protokoll von Grimm et al. (Grimm et al. 2010). Unterschiede zum Originalmodell werden dargestellt.

2.3.1 Konzept

Das individual-based Modell beschäftigt sich mit dem Thema der Räubersättigung beim Auftreten von Mastjahren (Tamburino und Bravo 2013). Als Mastjahre werden Jahre bezeichnet in denen eine Pflanzenspezies im Vergleich zu anderen Jahren eine sehr große Menge an Samen produziert (Wolff 1996). Eine häufige Erklärung für die Evolution von Mastjahren ist die Hypothese der Räubersättigung (Meyer und Pendleton 2015). Nach dieser Hypothese werden durch das massenhafte Auftreten von Samen die Samenfresser übersättigt und zerstören somit nur einen geringen Anteil der Samen, dadurch können mehr Bäume wachsen (Tamburino und Bravo 2013). Aufgrund der großen Menge bleiben viele Samen verschont, da die Anzahl der Räuber in den Intermastjahren zurück gegangen ist und sie nicht schnell genug reagieren können um die Ressourcen vollständig zu nutzen (Meyer und Pendleton 2015). Diese Art der Samenproduktion tritt bei einer Vielzahl von Pflanzenspezies auf (Wolff 1996). Mit dem Modell lässt sich ein Szenario in dem Mastjahre auftreten mit einem Szenario ohne Mastjahre vergleichen (Tamburino und Bravo 2013).

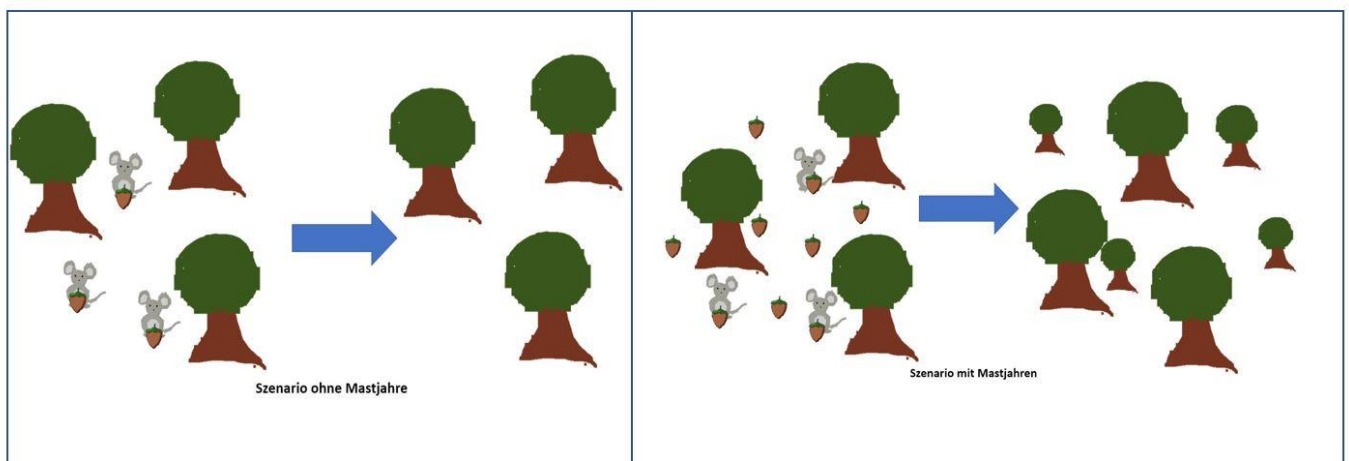


Abbildung 3: Darstellung der Räubersättigungshypothese. Im Szenario ohne Mastjahre wird jedes Jahr die gleiche Menge an Samen produziert, diese werden fast vollständig von Räufern gefressen. Es wachsen nur wenig neue Bäume. Im Szenario mit Mastjahren hingegen, wird regelmäßig eine große Samenanzahl produziert, die nicht vollständig gefressen werden kann. In diesem Szenario wachsen folglich mehr neue Bäume.

2.3.2 Einheiten, Variablen und Maßstab

Es gibt drei Arten von Entitäten Felder, Bäume und Mäuse. Das Modell bildet einen Bereich ab, der aus 40 mal 40 Feldern besteht. Die Umgebung ist kein Torus, d.h. dass Entitäten, die eine Seite erreichen an einen Rand stoßen. Auf jedem Feld kann ein einzelner Baum wachsen. Daraus ergibt sich eine Maximalanzahl von 1600 Bäumen. Mäuse können sich auf den Feldern bewegen, auch auf denen die von Bäumen und anderen Mäusen besetzt sind. Sie ernten die Samen auf dem Boden.

Anders als im Originalmodell müssen im replizierten Modell die Felder als eigenständige Entität definiert werden. Anders als in NetLogo werden in GAML nicht standardgemäß Rastergitter erstellt, auf denen sich die Agenten bewegen. Agenten können sich auf einem Rastergitter, einem Graph oder in einer kontinuierlichen Umgebung bewegen, (Grignard et al. 2013) die Felder müssen daher angelegt werden um sie verwenden zu können.

Mäuse haben die Attribute Energie (*energy*) und Alter (*mouse_age*) (Tabelle 1).

Entität	Attribut	Beschreibung
Feld	Baum (<i>tree</i>)	boolesche Variable, gibt an ob ein Baum auf dem Feld vorhanden ist
	Samen (<i>seeds</i>)	Anzahl der Samen auf einem Feld
	Nachbarn (<i>neighbors</i>)	Liste der Nachbarn eines Feldes
	Baumliste (<i>tree_in</i>)	Liste der Bäume auf einem Feld
Maus	Energie (<i>energy</i>)	Energie der Maus
	Alter (<i>mouse_age</i>)	Alter der Maus in Monaten
	Feld (<i>myPatch</i>)	Feld auf dem sich die Maus befindet
Baum	Alter (<i>age</i>)	Alter des Baums in Jahren, wird alle 12 Monate aktualisiert
	Feld (<i>myPatch</i>)	Feld auf dem sich der Baum befindet

Tabelle 1: Attribute der Agenten und deren Beschreibung.

Das Attribut Energie gibt die Energie an, die eine Maus im aktuellen Monat gespeichert hat. Alter gibt das Alter der Maus in Monaten an. Das Attribut Feld (*myPatch*) wird im Originalmodell nicht benötigt, es gibt an auf welchem Feld sich die Entität befindet. Bäume haben das Attribut Alter (*age*) und Felder die Attribute Baum (*tree*) und Samen (*seeds*). Bei Bäumen wird das Alter in Jahren angegeben und alle zwölf Monate aktualisiert. Das Attribut Baum gibt an ob ein Feld mit einem Baum besetzt ist und das Attribut Samen wie viele Samen auf einem Feld liegen. Felder haben noch die Attribute Nachbarn (*neighbors*) und Baumliste (*tree_in*), die aus Listen bestehen. Nachbarn ist eine Liste der benachbarten Felder und Baumliste eine Liste aller Bäume auf dem entsprechenden Feld. Die Baumliste wird benötigt, um das Attribut Baum zu bestimmen, wenn die Liste leer ist befindet sich kein Baum auf dem entsprechenden Feld. Im Originalmodell werden diese Listen nicht benötigt, da NetLogo eine andere Syntax hat.

	Name	Beschreibung	Einheit	Default	Alternative /Spanne
Mäuse	<i>nb_mice</i>	Anzahl der Mäuse am Anfang der Simulation	ganze Zahl	500	0-1000
	<i>metab_req</i> (E_m)	metabolischer Bedarf	Samenanzahl	8	5-20
	<i>max_seed</i> (S_{max})	maximale Anzahl Samen, die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können	Samenanzahl	20	10-60
	<i>max_offspring</i> (n_{0MAX})	maximale Nachkommenanzahl pro Maus pro Jahr	ganze Zahl	9	6-10
	<i>max_movement</i> (n_{mov})	maximal erlaubte Schrittzahl pro Zeitschritt	ganze Zahl	10	1-20
	<i>predation</i> (<i>pred</i>)	Todeswahrscheinlichkeit	Zahl	0	0-1
Bäume	<i>nb_trees</i>	Anzahl der Bäume am Anfang der Simulation	ganze Zahl	1600	0-1600
	<i>tree_death_prop</i> (P_d)	Todeswahrscheinlichkeit im Jahr	Zahl	0,035	0,00-0,1
	<i>seed_probability</i> (P_B)	Wahrscheinlichkeit, dass sich aus einem Samen ein neuer Baum entwickelt	Zahl	0,9	0,00-1
	<i>seeds_year</i> (S)	Samen die in einem Jahr produziert werden, wenn Mastjahre ausgeschaltet sind	ganze Zahl	650	100-2200
Mast	<i>mast_frequence</i> (n_y)	Anzahl der Jahre in einer Mastjahrperiode	ganze Zahl	5	2-14
	<i>proportion</i> (<i>prop</i>)	Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr	Zahl	40	0-100
	<i>mast</i>	Mastjahre treten auf (TRUE) oder nicht (FALSE)		FALSE	TRUE/FALSE

Tabelle 2: Veränderbare Parameter des Modells.

Die vorhandenen Parameter, die für jeden Durchlauf veränderbar sind, sind in Tabelle 2 zusammengefasst. Die Variablen, die die Mastperiode beschreiben sind n_y , *prop* und *mast*. Die Variable *mast* gibt an ob Mastjahre auftreten oder nicht. n_y gibt die Anzahl der Jahre in einer Mastperiode an und *prop* das Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr. Mäuse haben Variablen für den metabolischen Bedarf (E_m), die maximale Anzahl der Samen, die gegessen werden können (S_{max}), die maximale Nachkommenanzahl (n_{0MAX}), die maximale Schrittzahl (n_{mov}) und die Todeswahrscheinlichkeit (*pred*). Bäume besitzen ebenfalls eine Todeswahrscheinlichkeit (P_d), anders als bei Mäusen bezieht diese sich auf ein Jahr und nicht einen Zeitschritt. Weiterhin vorhanden ist die Wahrscheinlichkeit, dass aus einem Samen ein neuer Baum wächst (P_B) und die Samenmenge, die produziert wird, wenn das Szenario Mastjahre ausgeschaltet

ist (S). Die Parameter *nb_mice* und *nb_trees* geben die Anzahl der Mäuse und Bäume an, die am Beginn der Simulation vorhanden sind.

2.3.3 Prozesse und Ablauf

Zeit vergeht in dem Modell in regelmäßigen Schritten, die jeweils einen Monat repräsentieren. Einige Prozesse finden jeden Monat statt, andere hingegen seltener. Das Modell startet mit dem Monat 0, der den September repräsentiert und stoppt nach 2000 Schritten. Die genauen Prozesse sind in Tabelle 3 zusammengefasst. Die Zeitschrittweite basieren auf dem Modulo 12 der Schrittzahl.

Zeitschritt	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Monat	Sep.	Okt.	Nov.	Dez.	Jan.	Feb.	März	April	Mai	Juni	Juli	Aug.
Mäuse sterben (<i>die</i>)	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
Mäuse essen Samen (<i>moving</i>)		✓	✓	✓	✓	✓	✓					
Mäuse essen anderes (<i>get_energy</i>)	✓							✓	✓	✓	✓	✓
Mäuse Fortpflanzung (<i>reproduction</i>)		✓							✓			
Bäume sterben (<i>tree_death</i>)							✓					
Neue Bäume wachsen (<i>new_trees</i>)							✓					
Samen sterben ab (<i>set_seeds</i>)								✓				
Neue Samen (<i>set_new_seeds</i>)	✓											
Bäume altern (<i>tree_age</i>)	✓											

Tabelle 3: Prozesse des Modells und bei welchem Zeitschritt sie auftreten.

GAML hat eine andere Syntax als NetLogo, daher unterscheidet sich der Ablauf der Prozesse vom Originalmodell. In NetLogo gibt es eine Go-Prozedur in der alle Prozesse nacheinander durchgeführt werden, diese beschreibt was in einem Schritt im Modell passiert (Wilensky und Rand 2015, S. 269). In diesem Fall wird zuerst der Prozess „Mäuse sterben“ für alle betroffenen Mäuse durchgeführt und dann der nächste Prozess wiederum für alle betroffenen Agenten. In GAML gibt es die speziell definierte Go-Prozedur nicht. Alle Agenten haben sogenannte Reflexe, die sie je nachdem ob die Voraussetzungen zutreffen abhandeln. Es führt daher zunächst eine Maus alle ihre Prozeduren/Reflexe durch und im Anschluss daran die nächste Maus. Wenn alle Mäuse ihre Prozesse abgehandelt haben, sind die Bäume an der Reihe. Die Reihenfolge der Mäuse und Bäume ist zufällig. Die wichtigsten Reflexe und Attribute der verschiedenen Agenten sind in Abbildung 4 zusammengefasst.

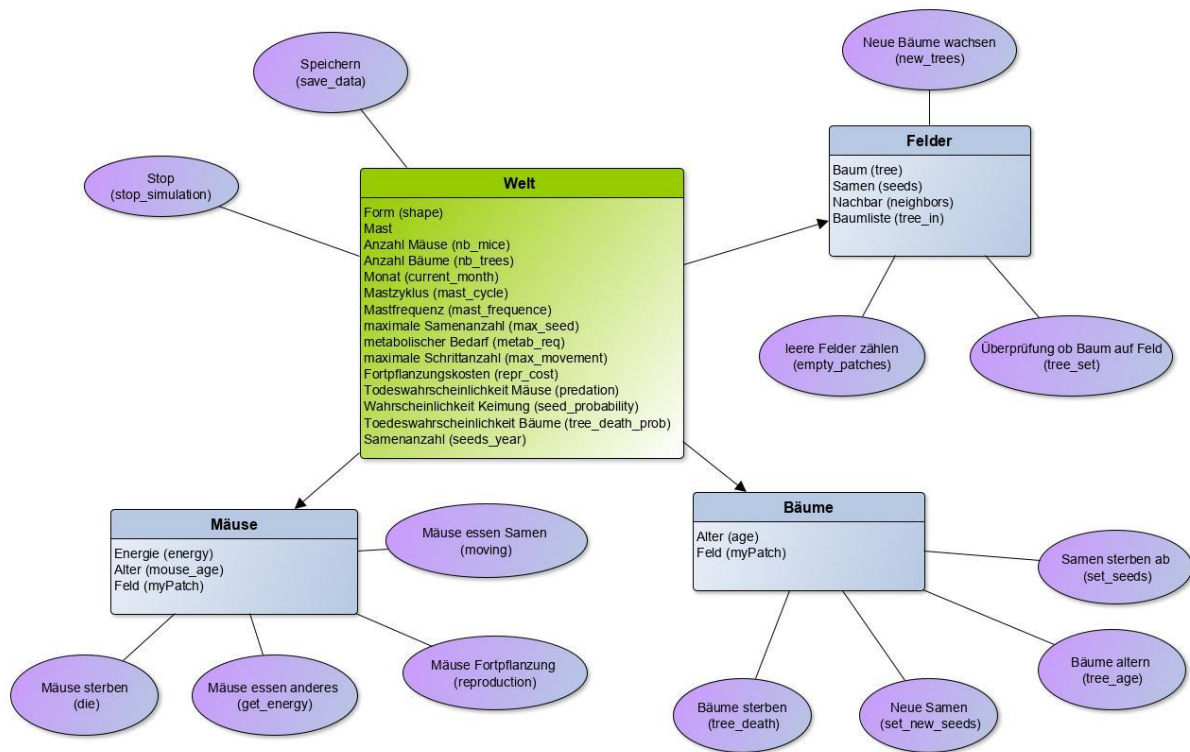


Abbildung 4: Darstellung der Attribute und Reflexe der Agenten des replizierten Modells.

Auch der allgemeine Bereich des Modells ist als Agent angelegt und kann Reflexe haben (Taillandier et al. 2019). Die wichtigsten sind hier das Stoppen nach 2000 Schritten (stop_simulation) und das Speichern (save_data) bestimmter Daten am Ende der Simulation.

2.3.4 Designkonzepte

2.3.4.1 Grundprinzip

Ein Grundprinzip des Modells ist es, dass Mäuse Energie zum Leben und zur Fortpflanzung brauchen. Wenn sie keine Energie mehr haben, sterben sie. Weiterhin können sie sich mit zu wenig Energie nicht fortpflanzen. Im Winter ernähren sich die Mäuse hauptsächlich von Samen, daher sind sie von deren Existenz abhängig.

Bäume können ab einem bestimmten Alter Samen produzieren. Die Menge der Samen ist abhängig vom Auftreten von Mastjahren.

2.3.4.2 Emergenz

Das Auftreten von Mastjahren sollte zu einer größeren Anzahl von Bäumen gegenüber den Szenarien ohne Mastjahre führen. Die Gesamtanzahl der Samen bleibt dabei in beiden Szenarien gleich, d.h. die Unterschiede sollten sich aus der Verteilung der Samen und nicht der Menge ergeben.

2.3.4.3 Interaktionen

Mäuse beeinflussen Bäume dadurch, dass sie deren Samen essen. Aus diesen Samen können keine neuen Bäume wachsen. Die Mäuse werden wiederum durch die Menge der Samen beeinflusst. Je mehr Samen vorhanden sind, desto einfacher können diese konsumiert werden und umso mehr Energie haben die Mäuse. Das bedeutet auch, dass wenn mehr Bäume vorhanden sind, mehr Samen produziert werden und somit mehr Mäuse überleben können.

2.3.4.4 Stochastik

Die Reihenfolge der Agenten, die ihre Reflexe durchführen ist zufällig.

Mäuse sterben mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit ($pred$) auch wenn sie genug Energie haben. In den Monaten April bis September erhalten die Mäuse eine zufällige Menge an Energie zwischen 0 und S_{max} . Die Anzahl der Nachkommen ist eine zufällige Zahl zwischen 0 und dem Quotienten aus Energie geteilt durch Reproduktionskosten.

Bäume haben im März eine bestimmte Wahrscheinlichkeit (P_d) zu sterben. Neue Bäume wachsen ebenfalls im März aus Samen mit der Wahrscheinlichkeit (P_B). Bei der Initialisierung erhalten alle Bäume ein zufälliges Alter zwischen 0 und 300.

Neue Samen entstehen im September. Wenn Mastjahre nicht aktiviert sind ergibt sich die Samenmenge aus einer zufälligen Zahl einer Normalverteilung mit dem Mittelwert S und der Standardabweichung $S/4$. Wenn Mastjahre hingegen aktiviert sind ergibt sich der Mittelwert S_1 für Nicht-Mastjahre und S_2 für Mastjahre. Die Standardabweichung ist in diesem Fall $S_1/4$ bzw. $S_2/4$.

2.3.4.5 Beobachtung

In GAML können verschiedene Experimente erstellt werden, die jeweils unterschiedliche Daten darstellen oder speichern (Taillandier 2014). Es wird zwischen Gui- und Batch-Experimenten unterschieden (Taillandier et al. 2019).

Hier wurde ein Gui-Experiment als Hauptexperiment und mehrere Batch-Experimente erstellt. Das Hauptexperiment besteht aus einer graphischen Darstellung des Feldes mit Bäumen und Mäusen. Bäume werden als grüne Rechtecke dargestellt und Mäuse als blaue Kreise. Weiterhin sind die veränderbaren Parameter (Tabelle 2) und Monitore für bestimmte Daten, z.B. die Anzahl der Mäuse und Bäume vorhanden. Schließlich beinhaltet das Experiment noch einen Graphen indem die Anzahl der Mäuse und Bäume über die Zeit dargestellt ist.

Ab dem Zeitschritt 1000 werden die folgenden Daten gesammelt und auf Monitoren dargestellt:

- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Mäuse

- Maximum, Minimum und Durchschnitt des Besiedlungsindex (colonization index).

Der Besiedlungsindex gibt das Verhältnis zwischen keimenden Samen pro Jahr und der Anzahl der leeren Felder wieder. Um diese Werte zu berechnen wurden Reflexe für den Welt-Agenten verwendet.

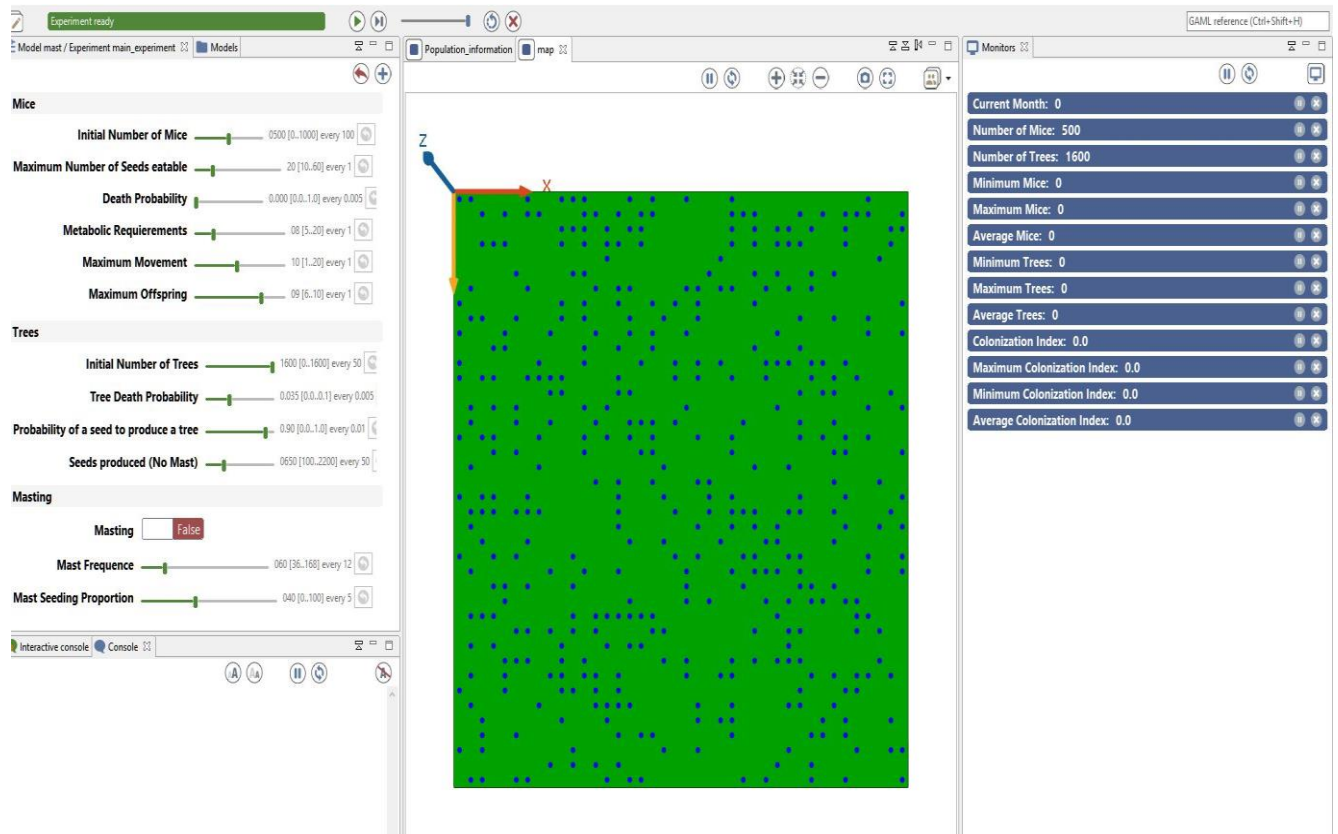


Abbildung 5: Darstellung des Hauptexperiments. Links sind die Parameter, mittig das Feld und rechts die Monitore zu sehen.

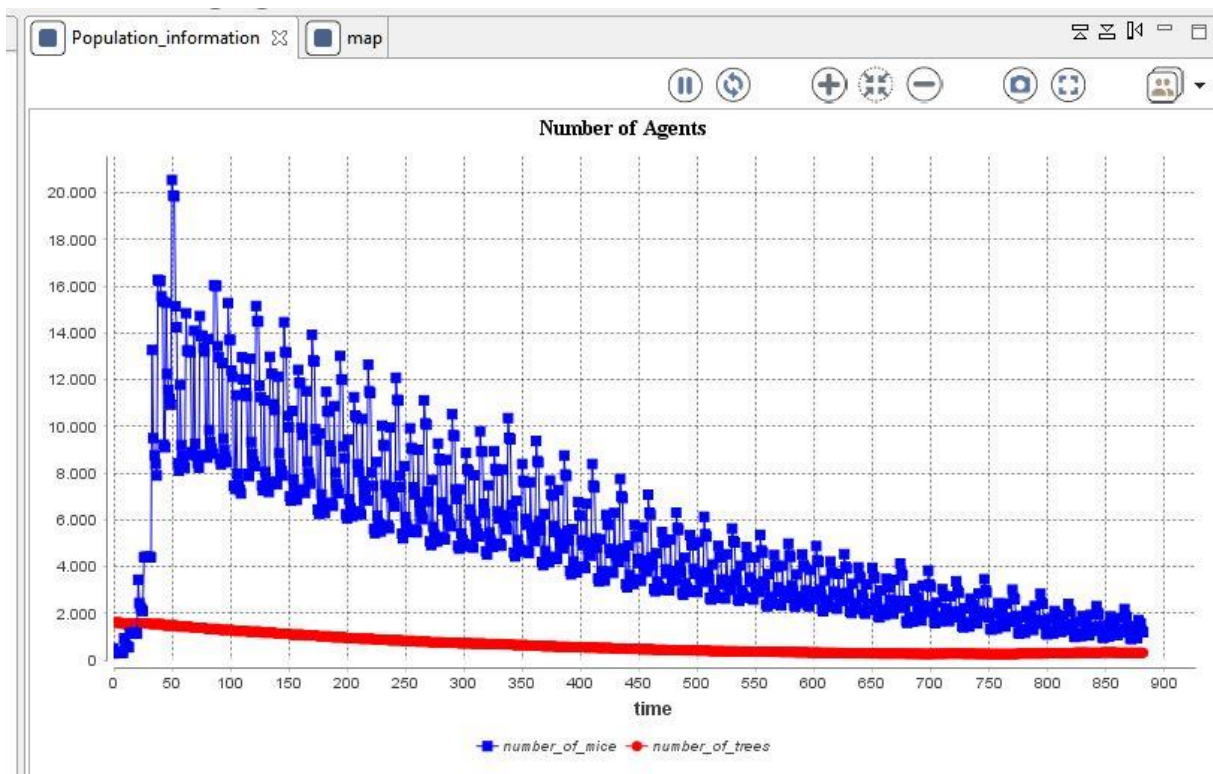


Abbildung 6: Darstellung des Graphen als Teil des Hauptexperiments. Er zeigt die Anzahl der Bäume (rot) und Mäuse (blau) über die Zeitschritte.

Es wurden weiterhin folgende-Experimente angelegt, um verschiedene Parameter zu verändern:

- „No Mast“: die Simulation wird 100 Mal für 2001 Schritte mit der Einstellung Mast = FALSE durchlaufen
- „Mast Standard“: die Simulation wird 100 Mal für 2001 Schritte mit der Einstellung Mast=TRUE durchlaufen
- „Mast Frequence“: hier wird die Mastfrequenz zwischen 2 und 8 Jahren in Jahresritten variiert, jede Einstellung wird 100 Mal wiederholt
- „Proportion“: das Samenverhältnis zwischen normalen und Mastjahren wird hier variiert (10 bis 70 in 10er Schritten), jede Einstellung wird 100 Mal wiederholt
- „Max_seed“: die maximal essbare Samenanzahl wird hier verändert (20 bis 60 in 10er Schritten), jede Einstellung wird 100 Mal wiederholt
- „Predation“: die Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse wird variiert (0,0 bis 0,12 in 0,02er Schritten), jede Einstellung wird 100 Mal wiederholt

In allen Experimenten werden die folgenden Daten nach 2000 Schritten gespeichert:

- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Maximum, Minimum und Durchschnitt des Besiedlungsindex.

2.3.5 Initialisierung

Es wird ein Feld mit 40 mal 40 Feldern erstellt. Die Felder haben eine Moore Nachbarschaft (8 Felder). 1600 Bäume werden erstellt, es befindet sich nur ein Baum auf jedem Feld. Das Alter der Bäume wird zufällig zwischen 0 und 300 Jahren generiert. Zusätzlich werden 500 Mäuse erschaffen. Ihr Alter und ihre Energie werden auf 0 gesetzt. Die Bäume produzieren Samen, die Menge richtet sich nach der Masteinstellung.

Einige Parameter wie die Anzahl der Bäume und Mäuse ist veränderbar (Tabelle 2).

2.3.6 Submodelle

2.3.6.1 Mäuse sterben

Mäuse die älter als 36 Monate sind sterben. Weiterhin haben Mäuse eine bestimmte Wahrscheinlichkeit (*pred*) früher zu sterben.

2.3.6.2 Mäuse essen Samen

In den Wintermonaten (Oktober bis März) ernähren sich die Mäuse von den Samen der Bäume (Tabelle 3). Die Maus bewegt sich dabei zu dem Feld mit der höchsten Samenanzahl, es sei denn sie steht bereits darauf. Sie isst danach alle vorhandenen Samen unter der Bedingung, dass sie nicht die maximale Samenanzahl (S_{max}) erreicht hat. Solange S_{max} nicht erreicht wurde, wiederholt sie diese Schritte für eine bestimmte maximale Anzahl (n_{mov}).

Die Energie der Maus steigt um die Anzahl der gegessenen Samen. Anschließend wird der metabolische Bedarf (E_m) von der Energie abgezogen. Ist die Energie der Maus dann bei 0 oder weniger, stirbt sie.

2.3.6.3 Mäuse essen anderes

In den Sommermonaten (April bis September) ernähren sich die Mäuse von anderen Ressourcen. Sie erhalten eine zufällige Summe an Energie zwischen 0 und S_{max} . Anschließend wird wie in den anderen Monaten auch der metabolische Bedarf (E_m) von der Energie abgezogen. Ist die Energie der Maus dann bei 0 oder weniger, stirbt sie.

2.3.6.4 Mäuse Fortpflanzung

Im Oktober und Mai pflanzen sich die Mäuse fort. Die Anzahl der Nachkommen ist eine zufällige Zahl zwischen 0 und dem Quotienten aus Energie geteilt durch Reproduktionskosten (E_r). Die Reproduktionskosten sind abhängig von dem Parameter n_{0MAX} der die maximale Nachkommenzahl einer Maus pro Jahr bestimmt:

$$E_r = \frac{12(S_{max} - E_m)}{n_{0MAX}}$$

Neue Mäuse haben 0 Energie und das Alter 0.

2.3.6.5 Bäume sterben

Bäume haben im März eine bestimmte Wahrscheinlichkeit (P_d) zu sterben.

2.3.6.6 Neue Bäume wachsen

Im März wachsen neue Bäume aus den vorhandenen Samen. Sie können nur auf Felder wachsen, auf denen nicht schon ein Baum vorhanden ist. Auf jedem leeren Feld werden alle Samen durchgegangen, solange bis keine Samen mehr vorhanden sind oder ein Baum aus einem Samen gewachsen ist. Jeder Samen hat eine bestimmte Wahrscheinlichkeit (P_b) sich zu einem Baum zu entwickeln. Neue Bäume haben das Alter 0.

2.3.6.7 Samen sterben ab

Im April sterben alle Samen, die nicht gegessen wurden oder aus denen kein neuer Baum gewachsen ist ab. Hier ist ein Unterschied zum Originalmodell. In diesem passiert dieser Schritt im Monat März. Aufgrund der GAML Syntax, bei der alle Agenten ihre Reflexe hintereinander durchgehen, bevor der nächste Agent dies tut, wurde dies hier geändert. Ansonsten würden alle Samen schon absterben nachdem der erste Baumagent seinen Durchgang beendet hat und es könnten aus den anderen Samen keine Bäume mehr wachsen.

2.3.6.8 Neue Samen

Die Samenverbreitung erfolgt im Monat 0 (September). Bäume die mindestens 25 Jahre alt sind produzieren Samen und verbreiten sie auf die benachbarten Felder. Wenn Mastjahre nicht aktiviert sind ergibt sich die Samenmenge aus einer zufälligen Zahl einer Normalverteilung mit dem Mittelwert S und der Standardabweichung $S/4$. Wenn Mastjahre hingegen aktiviert sind ergibt sich der Mittelwert S_1 für Nicht-Mastjahre und S_2 für Mastjahre. Die Standardabweichung ist in diesem Fall $S_1/4$ bzw. $S_2/4$. Der Wert S_1 ergibt sich aus folgender Gleichung:

$$S_1 = \frac{n_y * S}{n_y - 1 + prop}$$

Der Wert S_2 für Mastjahre ergibt sich folgendermaßen:

$$S_2 = S_1 * prop$$

2.3.6.9 Bäume altern

Im September erhöht sich das Alter aller Bäume um eins.

2.3.6.10 Prozesse der Felder

Die Felder besitzen zwei Prozesse. Zum einen werden im März die leeren Felder gezählt und zum anderen wird jeden Monat die Variable Baum (*tree*) aktualisiert. Wenn sich ein Baum auf dem Feld befindet ändert sich der Wert von FALSE zu TRUE.

2.3.6.11 Welt Prozesse

Die Welt besitzt als globaler Agent mehrere Prozesse. Die Simulation stoppt nach 2000 Schritten. Weiterhin werden bestimmte Daten gespeichert (s.o.). Des Weiteren werden in anderen Reflexen folgende Daten bestimmt:

- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Maximum, Minimum und Durchschnitt des Besiedlungsindex.

2.4 Replikation

2.4.1 Replikation im Allgemeinen

Die Verwendung von Modellen ist zu einem unerlässlichen und weit verbreiteten Bestandteil der Ökologie geworden (Thiele und Grimm 2015). Die meisten dieser Modelle wurden allerdings von niemandem als dem originären Entwickler reproduziert (Wilensky und Rand 2007).

Replikation ist eine entscheidende Komponente der wissenschaftlichen Methode (Wilensky und Rand 2007). IBM eine Form des wissenschaftlichen Experimentierens (Wilensky und Rand 2007). Die Replikation eines Experiments beweist, dass dieses wiederholbar ist und kein einmaliges Event darstellt (Wilensky und Rand 2007). Bei einem Modell kommt noch hinzu, dass das Vertrauen in die Verifikation steigt, die Validierung des ursprünglichen Modells überprüft wird und das Verständnis über die Modellentwicklung steigt (Wilensky und Rand 2007).

Replikation beinhaltet die Reimplementierung eines schon vorhandenen Modells und die Reproduktion dessen Ergebnissen (Thiele und Grimm 2015). Bei der Implementierung eines Konzeptmodells wird das Modell in ein Computerformat übertragen, ist somit lauffähig und kann Ergebnisse generieren (Wilensky und Rand 2007). Ein Konzeptmodell hingegen ist eine meist textuelle Beschreibung eines realen Prozesses oder Objekts die nicht lauffähig ist (Wilensky und Rand 2007).

Die Implementierung des replizierten Modells muss sich auf irgendeine Art und Weise vom Originalmodell unterscheiden, z.B. durch Zeit, Hardware, Programmiersprache, Plattform,

Algorithmen oder Autor (Wilensky und Rand 2007). Zeit ist dabei ein Aspekt der Replikation der sich immer unterscheidet (Wilensky und Rand 2007).

2.4.2 Beschreibung der Replikation

Das Originalmodell in diesem Fall wurde im Jahr 2012 veröffentlicht (Tamburino und Bravo 2013).

Das replizierte Modell wurde im Jahr 2019 fertig gestellt.

Für die Replikation wurde auch auf anderer Hardware, also einem anderen Computer entwickelt. Die Verwendung von unterschiedlicher Hardware sollte bei der Verwendung von Hardware unabhängigen Programmiersprachen allerdings keine Rolle spielen (Wilensky und Rand 2007).

Das Originalmodell wurde in der Programmiersprache NetLogo mit der Plattform NetLogo 5.0.1 programmiert (Tamburino und Bravo 2013). Das replizierte Modell wurde hingegen in der Sprache GAML auf der Plattform GAMA 1.8 verfasst. Die Syntax und Semantik einer Sprache können signifikante Effekte darauf haben wie ein Modell implementiert wird und somit auch zu unterschiedlichen Ergebnissen führen (Wilensky und Rand 2007). Ein Modell in einer anderen Programmiersprache zu replizieren macht es frei von den Befangenheiten der ursprünglichen Sprache und kann Unterschiede zwischen Konzeptmodell und implementiertem Modell erkennbar machen (Wilensky und Rand 2007).

Die verwendeten Algorithmen unterscheiden sich zwangsläufig durch die Tatsache, dass sie in unterschiedlichen Programmiersprachen verfasst wurden und eine exakte Kopie somit nicht möglich ist. Die Algorithmen sollen aber die gleichen Gegebenheiten darstellen und sind sich daher ähnlich.

	Originalmodell	repliziertes Modell
Zeit	2012	2019
Programmiersprache	NetLogo	GAML
Plattform	NetLogo 5.0.1	GAMA 1.8
Autor	Tamburino und Bravo	Sarah Rieche

Tabelle 4: Unterschiede zwischen dem Originalmodell und dem replizierten Modell.

Der Autor der Modelle unterscheidet sich hier ebenfalls. Zwischen den Autoren des Originalmodells und des replizierten Modells fand keine Kommunikation statt.

Bei dem Autor des replizierten Modells gibt es Vertrautheit mit der Programmiersprache und Plattform des Originalmodells. Es wurden schon einfache Modelle damit gebaut. Der Sourcecode des Originalmodells wurde nicht umfassend ausgewertet. Zur Replikation wurde in erster Linie das veröffentlichte Paper (Tamburino und Bravo 2013) und das zugehörige ODD Protokoll verwendet. Nur für den Prozess der Samenverbreitung (siehe Abschnitt 3.6.8) wurde der Sourcecode des

Originalmodells zur Rate gezogen, nachdem die ersten Simulationsergebnisse sehr stark von den erwarteten Werten abwichen.

2.4.3 Bewertung der Replikation

2.4.3.1 Replikationsstandard

Eine erfolgreiche Replikation liegt vor, wenn das replizierte Modell Ergebnisse liefert, die denen des Originalmodells ausreichend ähnlich sind (Wilensky und Rand 2007). Der Maßstab nach dem bewertet wird ob eine Replikation erfolgreich war wird als Replikationsstandard (RS) bezeichnet und beinhaltet drei Kategorien (Wilensky und Rand 2007).

Die erste Kategorie numerische Äquivalenz liegt nur vor wenn die Modelle die exakt gleichen numerischen Ergebnisse liefern und ist in Modellen mit stochastischen Elementen nicht zu erwarten (Axtell et al. 1996). Wenn Ergebnisse vorliegen die qualitativ ähnliche Beziehungen zwischen Input- und Output-Variablen erkennen lassen, wird von relationaler Äquivalenz gesprochen (Wilensky und Rand 2007). Distributive Äquivalenz ist gegeben, wenn Modelle die gleiche Verteilung von Ergebnissen haben die sich statistisch nicht voneinander unterscheidet (Axtell et al. 1996).

2.4.3.2 Statistische Vergleichbarkeit

Um die distributive Äquivalenz zu bestimmen wurden verschiedene Tests durchgeführt. Hierzu wurde die Software RStudio verwendet.

T-Tests sind Verfahren zur statistischen Prüfung von Mittelwertsunterschieden von Stichproben (Leonhart 2017, S. 236). Hier wurde ein t-Test für unabhängige Stichproben gewählt. Der Test für unabhängige Stichproben ist dann zu wählen, wenn keine Zuordnung der Messwerte zu Paaren aus beiden Gruppen möglich ist (Leonhart 2017, S. 244). Hier wurden beide Modelle unabhängig voneinander getestet. Die Messwerte lassen sich nicht zu Paaren zuordnen.

Für unabhängige Stichproben existieren t-Tests für homogene und heterogene Varianzen (Leonhart 2017, S. 246). Die Varianz gibt an wie weit die Werte von einem Mittelwert abweichen (Leonhart 2017, S. 61). Hier wurde ein Welch-Test durchgeführt. Bei diesem sind die Voraussetzungen dahin abgeschwächt, dass die Gleichheit der Varianzen nicht vorausgesetzt wird (Weiß 2013, S. 184). Bei den Messwerten treten unterschiedliche Varianzen auf, daher ist der Welch-Test, dem Test für homogene Varianzen vorzuziehen.

Für den t-Test müssen die Daten mindestens intervallskaliert sein (Leonhart 2017, S. 224). Die gemessenen Werte sind alle verhältnisskaliert und erfüllen diese Voraussetzung daher. Die Daten sollten ungefähr normalverteilt sein, bei großen Stichprobengrößen (>30) kann diese Bedingung aber verletzt werden ohne dass die Ergebnisse ungültig werden (Fischetti 2015, S. 125–129). Die

Normalverteilung lässt sich mit der Dichtefunktion visuell überprüfen (Pace 2012, S. 104). Die Dichtefunktion gibt wieder mit welcher Wahrscheinlichkeit eine Variable eine bestimmte Merkmalsausprägung annimmt (Leonhart 2017, S. 143). Normalverteilte Kurven sind symmetrisch und haben ihren Hochpunkt am Mittelwert (Pace 2012, S. 104).

Eine andere Möglichkeit zur Überprüfung der Normalverteilung ist die Durchführung des Shapiro-Wilk Tests. Der Shapiro-Wilk Test testet auf einem Signifikanzniveau von $\alpha = .05$. Ein p-Wert kleiner als 0,05 bedeutet, dass der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist und dass die Daten nicht normalverteilt (Verma und Abdel-Salam 2019, S. 69).

Bei der Durchführung des Welch-Tests wird die Nullhypothese (H_0) getestet, diese besagt, dass es zwischen den getesteten Mittelwerten keinen Unterschied gibt (Pace 2012, S. 125). Die Alternativhypothese (H_1) besagt, dass ein Unterschied zwischen den Mittelwerten besteht und die Unterschiede nicht nur zufällig entstanden sind (Leonhart 2017, S. 178). Ob eine Hypothese aufrechterhalten oder verworfen wird, kann nur mit einer bestimmten Irrtumswahrscheinlichkeit ermittelt werden (Leonhart 2017, S.178). Wenn die Wahrscheinlichkeit für eine Abweichung unter einem bestimmten Grenzwert (α -Niveau) liegt, muss die Nullhypothese verworfen werden und die Alternativhypothese wird angenommen (Leonhart 2017, S. 180). Das α -Niveau wird meist bei 5% festgelegt, d.h. die ermittelte Wahrscheinlichkeit muss unter $p=.05$ liegen um die Nullhypothese zu verwerfen (Leonhart 2017, S. 180).

2.4.3.3 Ergebnisvergleich

Nachdem eine Kategorie des Replikationsstandard gewählt wurde muss der bestimmte RS weiter konkretisiert werden (Wilensky und Rand 2007). Weiterhin muss bestimmt werden wie oft die Ergebnisse verglichen werden (Wilensky und Rand 2007).

Hier wurden verschiedene Szenarios mit unterschiedlichen Parametern verglichen. Im Szenario mit/ohne Mastjahre („No Mast“ und „Mast Standard“) wird die Simulation je 100 Mal mit den Standardparametern und der Einstellung Mast=FALSE bzw. Mast=TRUE durchlaufen. Das zweite Szenario, bei dem die Mastfrequenz variiert („Mast Frequence“) wird diese in Jahresschritten zwischen zwei und acht Jahren erhöht, wobei jede Einstellung 100 Mal wiederholt wird. Das Szenario, in dem das Samenverhältnis variiert („Proportion“) erhöht diese in Zehnerschritten zwischen den Werten 10 und 70 und wird ebenfalls 100 Mal für jede Einstellung wiederholt. Auch die Szenarien in denen die Anzahl der essbaren Samen („Max_seed“) und die Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse („Predation“) verändert werden, werden für jede Einstellung 100 Mal wiederholt. Die Anzahl der Samen variiert zwischen 20 und 60 und wird in Zehnerschritten erhöht. Die Todeswahrscheinlichkeit variiert zwischen 0,0 und 0,12 und wird in Schritten von 0,02 erhöht.

Für das erste Szenario („No Mast“, „Mast Standard“) wird das Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl Bäume, das Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Mäuse und Maximum, Minimum und Durchschnitt des Besiedlungsindex analysiert. In den anderen Szenarien wurde aus Gründen der Übersichtlichkeit nur der Durchschnitt der Anzahl der Bäume, der Durchschnitt der Anzahl der Mäuse und der Durchschnitt des Besiedlungsindex verglichen.

Alle Variablen wurden nach 2000 Simulationsschritten gespeichert. Es werden somit die Endwerte der Simulationen miteinander verglichen. Die Werte des replizierten Modells wurden mit Hilfe der GAMA Batch-Experimente gesammelt und die des Originalmodells mit Hilfe des BehaviorSpace Tools von NetLogo.

Für alle gemessenen Werte wurde der Wertebereich bestimmt und ein Shapiro-Wilk-Test zur Bestimmung ob eine Normalverteilung vorliegt durchgeführt. Es wurde anschließend ein Welch-Test mit den Werten des Originalmodells und replizierten Modells durchgeführt, um festzustellen ob die Mittelwerte sich statistisch voneinander unterscheiden.

3. Ergebnisse

Es wurden fünf Szenarien mit unterschiedlichen Parametern in beiden Modellen simuliert und miteinander verglichen.

3.1. Szenario mit und ohne Mastjahre

Das erste Szenario besteht aus dem Vergleich des Modellszenarios ohne Mastjahre mit dem Alternativszenario mit Mastjahren. Es wurden je 100 Simulationen mit den Standardeinstellungen (Tabelle 2) und der Einstellung Mast=FALSE bzw. Mast= TRUE im Originalmodell und replizierten Modell durchlaufen und die folgenden Daten nach 2000 Zeitschritten verglichen:

- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Maximum, Minimum und Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Maximum, Minimum und Durchschnitt des Besiedlungsindex.

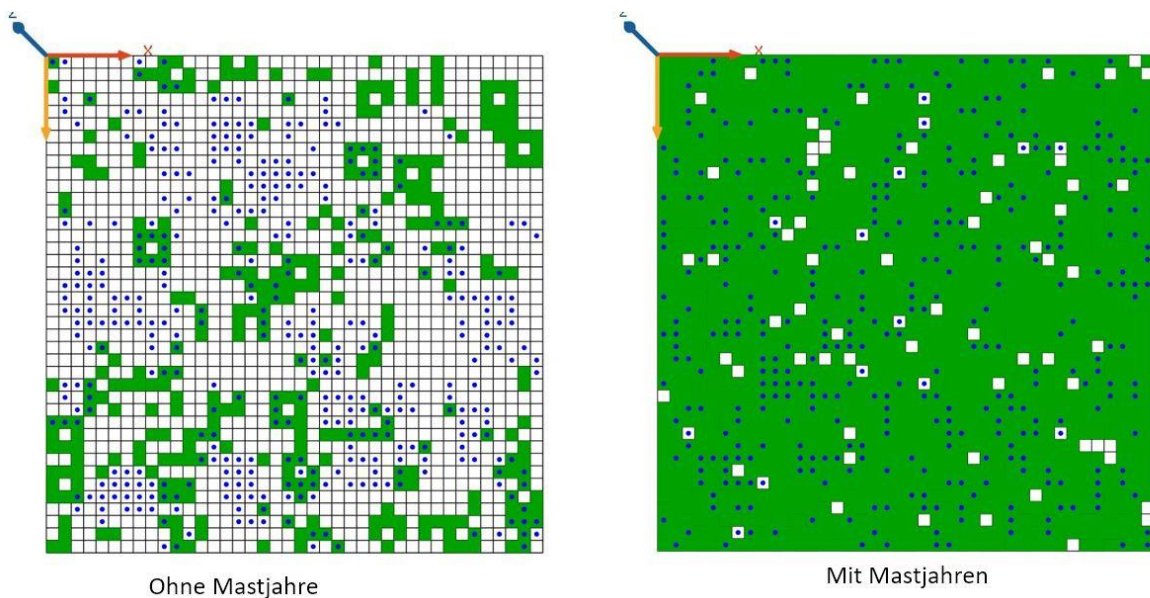
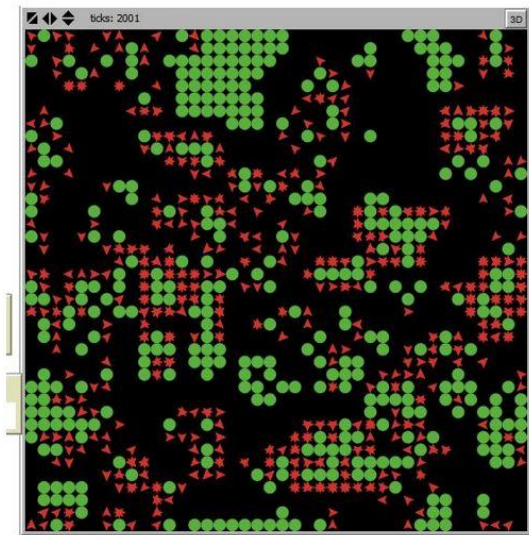
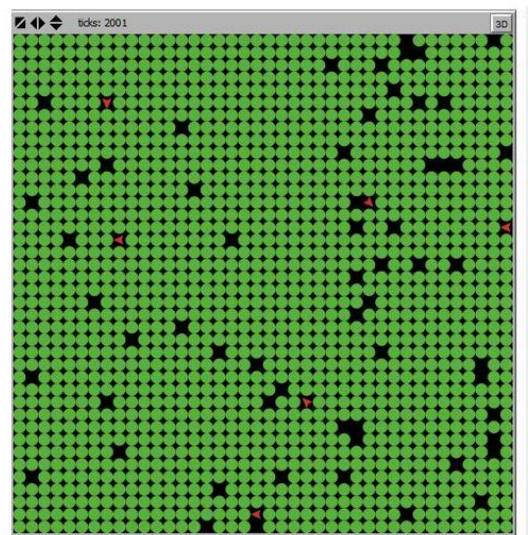


Abbildung 7: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells. Im ersten Bild sind Mastjahre ausgeschaltet, im zweiten Bild dagegen aktiviert. Grüne Rechtecke stellen die Bäume dar und blaue Kreise die Mäuse.



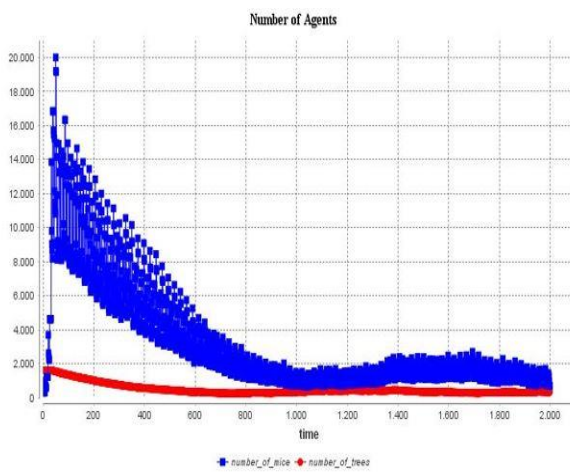
Ohne Mastjahre



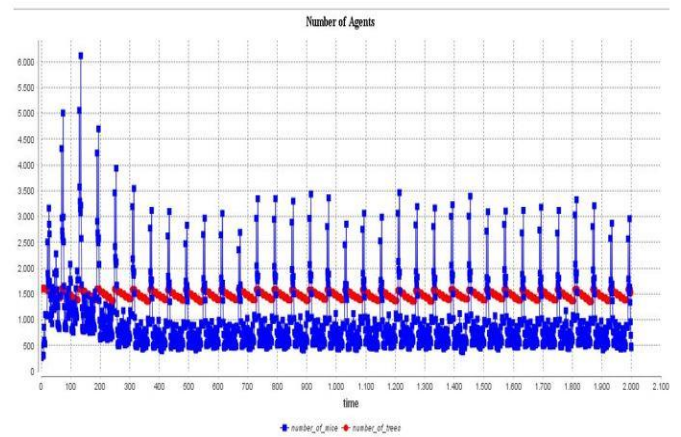
Mit Mastjahren

Abbildung 8: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells. Im ersten Bild sind Mastjahre ausgeschaltet, im zweiten Bild dagegen aktiviert. Grüne Kreise stellen die Bäume dar und rote Dreiecke die Mäuse.

Ein visueller Vergleich der Ergebnisse des replizierten Modells mit dem Originalmodell (Abbildung 7, Abbildung 8) für beide Einstellungen zeigt, dass in beiden Modellen bei dem Aktivieren von Mastjahren deutlich mehr Bäume vorhanden sind. Optisch sind die Resultate sehr ähnlich.



Ohne Mastjahre



Mit Mastjahren

Abbildung 9: Graphen der Agentenentwicklung für je eine Simulation im replizierten Modell. Im ersten Bild sind Mastjahre ausgeschaltet, im zweiten Bild aktiviert. Die X-Achse zeigt die Zeitschritte und die Y-Achse die Anzahl der Agenten. Mäuse sind blau dargestellt und Bäume rot.

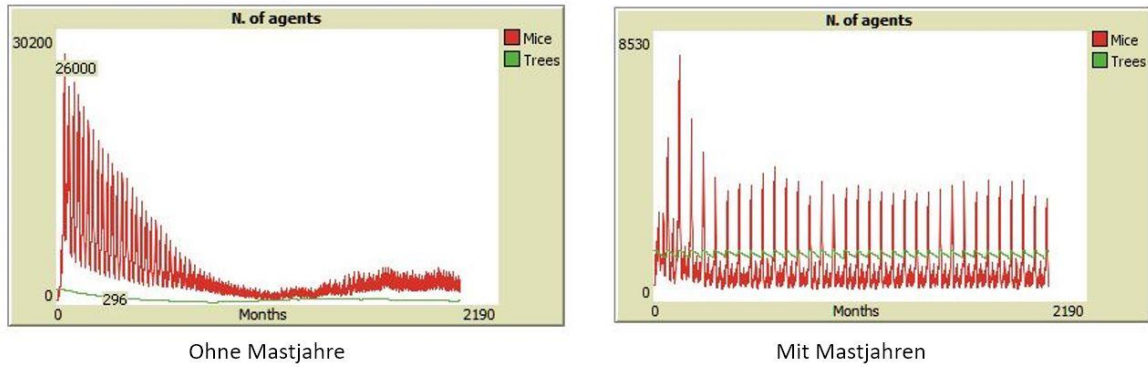


Abbildung 10: Graphen der Agentenentwicklung für je eine Simulation im Originalmodell. Im ersten Bild sind Mastjahre ausgeschaltet, im zweiten Bild aktiviert. Die X-Achse zeigt die Zeitschritte und die Y-Achse die Anzahl der Agenten. Mäuse sind rot dargestellt und Bäume blau.

Die Kurven der Anzahl der Agenten in beiden Modellen (Abbildung 9, Abbildung 10) verlaufen ebenfalls sehr ähnlich. In den Simulationen ohne Mastjahre zeigen beide Modelle anfangs sehr hohe Mäusezahlen, die sich dann stark verringern und am Ende leicht ansteigen. Die Anzahl der Bäume sinkt auch in beiden Modellen anfangs leicht und bleibt dann relativ konstant. Die Simulation mit Mastjahren zeigen hingegen deutlich geringere Mäusezahlen die immer wieder ansteigt und wieder fällt. Auch die Anzahl der Bäume oszilliert um einen Mittelwert herum. Die Graphen der Simulationen sind sich optisch sehr ähnlich. Auffällig ist, dass im Originalmodell die absolute Mäuseanzahl in beiden Simulationen höher ist als im replizierten Modell.

Zur Prüfung der Normalverteilung wurden Dichtefunktionen erstellt und ein Shapiro-Wilk Test durchgeführt. Wenn bei diesem Test der p-Wert größer ist als 0,05 dann liegt eine Normalverteilung vor.

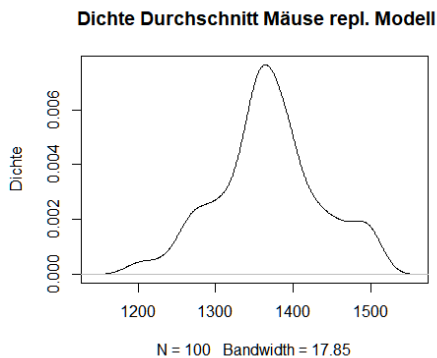


Abbildung 11: Dichtefunktion des Durchschnitts der Mäuse mit den Werten aus dem replizierten Modell im Szenario ohne Mastjahre.

Dichte Durchschnitt Mäuse Originalmodell

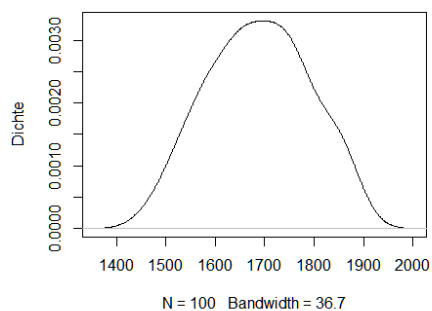


Abbildung 12: Dichtefunktion des Durchschnitts der Mäuse mit den Werten aus dem Originalmodell im Szenario ohne Mastjahre.

Dichte Max. Anzahl Mäuse Originalmodell

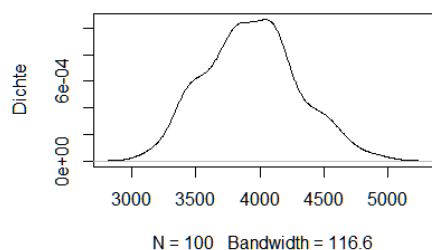


Abbildung 13: Dichtefunktion der maximalen Anzahl der Mäuse mit den Werten aus dem Originalmodell im Szenario ohne Mastjahre.

Dichte Max. Anzahl Mäuse repliziertes Modell

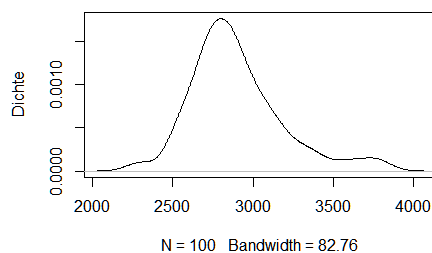


Abbildung 14: Dichtefunktion der maximalen Anzahl der Mäuse mit den Werten aus dem replizierten Modell im Szenario ohne Mastjahre.

	Wertebereich		Shapiro-Wilk-Test	
	Originalmodell	repliziertes Modell	Originalmodell	repliziertes Modell
Ohne Mastjahre				
Max. Anzahl Bäume	509-717	372-569	0,3589	0,1467
Min. Anzahl Bäume	256-427	201-328	0,1056	0,2007
Durchschnitt Bäume	403-533	321-409	0,7792	0,7021
Max. Anzahl Mäuse	3157-4907	2281-3814	0,5207	8,199 e⁻⁰⁵

Min. Anzahl Mäuse	374-732	417-784	0,3847	0,8683
Durchschnitt Mäuse	1468-1892	1197 -1504	0,238	0,1661
Max. Besiedlungsindex	0,0384-0,1284	0,0327-0,1175	0,6701	2,051 e ⁻⁰⁵
Min. Besiedlungsindex	0	0	/	/
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,0116-0,0183	0,0085-0,0127	0,7964	0,572
Mit Mastjahren				
Max. Anzahl Bäume	1587-1599	1576-1592	0,05368	0,06482
Min. Anzahl Bäume	1337-1370	1320-1370	0,3618	0,04887
Durchschnitt Bäume	1472-1487	1460-1481	0,4123	0,1172
Max. Anzahl Mäuse	3774-4451	3170-3748	0,1769	0,1726
Min. Anzahl Mäuse	293-389	344-429	0,258	0,3647
Durchschnitt Mäuse	873-952	807-880	0,4786	0,2499
Max. Besiedlungsindex	0,9545-0,9962	0,9129-0,9699	0,8305	0,2093
Min. Besiedlungsindex	0	0	/	/
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1936-0,2014	0,1864-0,2005	0,003785	0,03318

Tabelle 5: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des ersten Szenarios. Werte, bei denen der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist, sind rot markiert.

Zu erkennen ist, dass sich die gemessenen Werte des Originalmodells und replizierten Modells ähneln und zum Teil überschneiden. Besonders die Anzahl der Bäume ähnelt sich im Szenario mit Mastjahren stark. Mit Ausnahme des Minimums der Mäuseanzahl sind die Werte im Originalmodell höher als im replizierten Modell. Eine Ausnahme bildet das Minimum des Besiedlungsindexes, dieses hat in allen durchgeführten Simulationen den Wert null. Hier sind die gemessenen Werte identisch, auf weitere Tests wird daher verzichtet.

Der Shapiro-Test ergibt, dass für fast alle Variablen eine Normalverteilung vorliegt (Tabelle 5), da die Stichprobe aber groß genug ist kann auch für die anderen Werte ein t-Test durchgeführt werden. Keine Normalverteilung haben im Szenario ohne Mastjahre die maximale Anzahl der Mäuse und der maximale Besiedlungsindex des replizierten Modells. In den Simulationen mit Mastjahren zeigt der durchschnittliche Besiedlungsindex in beiden Modellen keine Normalverteilung, ebenso wie die minimale Anzahl der Bäume im replizierten Modell (Tabelle 5). Zur Veranschaulichung wurden auch Dichtefunktionen erstellt (Abbildung 11-Abbildung 14). Diese zeigen auch visuell die Normalverteilung der Werte. Auch die maximale Anzahl der Mäuse (Abbildung 14), die im Shapiro-Wilk Test einen sehr niedrigen Wert hat zeigt eine ungefähre Normalverteilungskurve, allerdings mit einigen Ausreißern bei den hohen Werten, die wahrscheinlich für den schlechten Testwert verantwortlich sind.

Hier wurde ein Welch-Test für alle Variablen, außer der minimalen Baumanzahl, durchgeführt, um zu zeigen ob die Unterschiede zwischen den Modellen statistisch relevant sind. Der Welch-Test testet die Nullhypothese, dass es zwischen den getesteten Werten keinen Unterschied gibt. Die Nullhypothese wird verworfen, wenn der p-Wert kleiner als 0,05 ist. Weiterhin wurde der Unterschied zwischen den Mittelwerten in Prozent bestimmt.

Mittelwert				
	Originalmodell	repliziertes Modell	Unterschied %	p-Wert
Ohne Mastjahre				
Max. Anzahl Bäume	602,43	447,91	25,65%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Anzahl Bäume	334,21	274,73	17,80%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Bäume	471,45	360,03	23,63%	$<2,2 e^{-16}$
Max. Anzahl Mäuse	3937,06	2897,89	26,39%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Anzahl Mäuse	556,01	592,78	6,61%	0.0005116
Durchschnitt Mäuse	1688,12	1368,6	18,93%	$<2,2 e^{-16}$
Max. Besiedlungsindex	0,0769	0,0535	30,43%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Besiedlungsindex	0	0	0%	/
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,0149	0,0105	29,53%	$<2,2 e^{-16}$
Mit Mastjahren				
Max. Anzahl Bäume	1593,84	1584,42	0,59%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Anzahl Bäume	1355,14	1349,42	0,42%	$3,899 e^{-06}$
Durchschnitt Bäume	1480,59	1471,35	0,62%	$<2,2 e^{-16}$
Max. Anzahl Mäuse	4054,74	3416,50	15,74%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Anzahl Mäuse	347,89	390,57	12,27%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	914,04	842,82	7,79%	$<2,2 e^{-16}$
Max. Besiedlungsindex	0,9770	0,9423	3,55%	$<2,2 e^{-16}$
Min. Besiedlungsindex	0	0	0%	/
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1983	0,1937	2,32%	$<2,2 e^{-16}$

Tabelle 6: Mittelwerte der Variablen des ersten Szenarios des Original- und replizierten Modells. Weiterhin ist der Unterschied der Mittelwerte in Prozent und die Ergebnisse des Welch-Tests aufgeführt.

Die Ergebnisse des Welch-Test ergeben für alle Variablen p-Werte unter 0,05. Daher muss die Nullhypothese für alle Variablen verworfen werden, die Unterschiede zwischen den Mittelwerten sind folglich statistisch relevant.

Die Mittelwerte weisen im Szenario ohne Mastjahre Unterschiede zwischen 0 und 30,43% auf. Im Szenario mit Mastjahren liegen sie zwischen 0 und 15,74%. Es ist zu erkennen, dass sich die Mittelwerte im zweiten Szenario weniger stark unterscheiden. Auffällig ist auch, dass alle Mittelwerte bis auf die minimale Mäuseanzahl in beiden Szenarien im Originalmodell größer sind als im replizierten Modell.

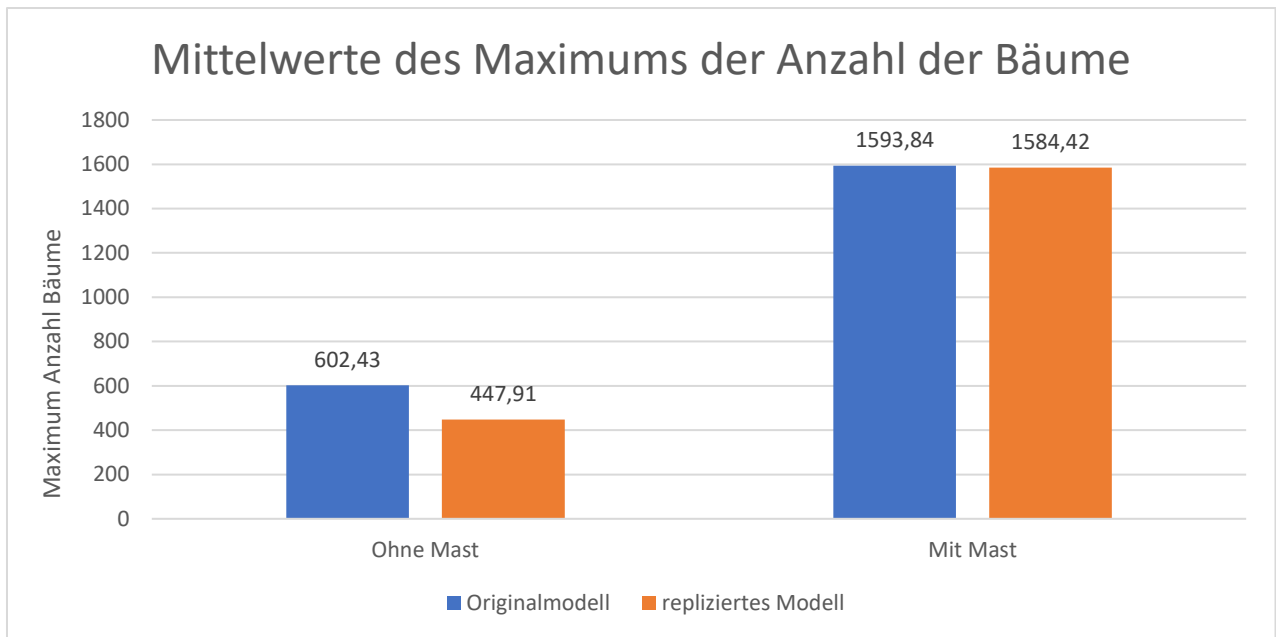


Abbildung 15: Vergleich der Mittelwerte des Maximums der Baumanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Maximums der Anzahl der Bäume unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 25,65% und im Szenario mit Mastjahren um 0,59% (Abbildung 15). Der Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Werte sind im Originalmodell höher.

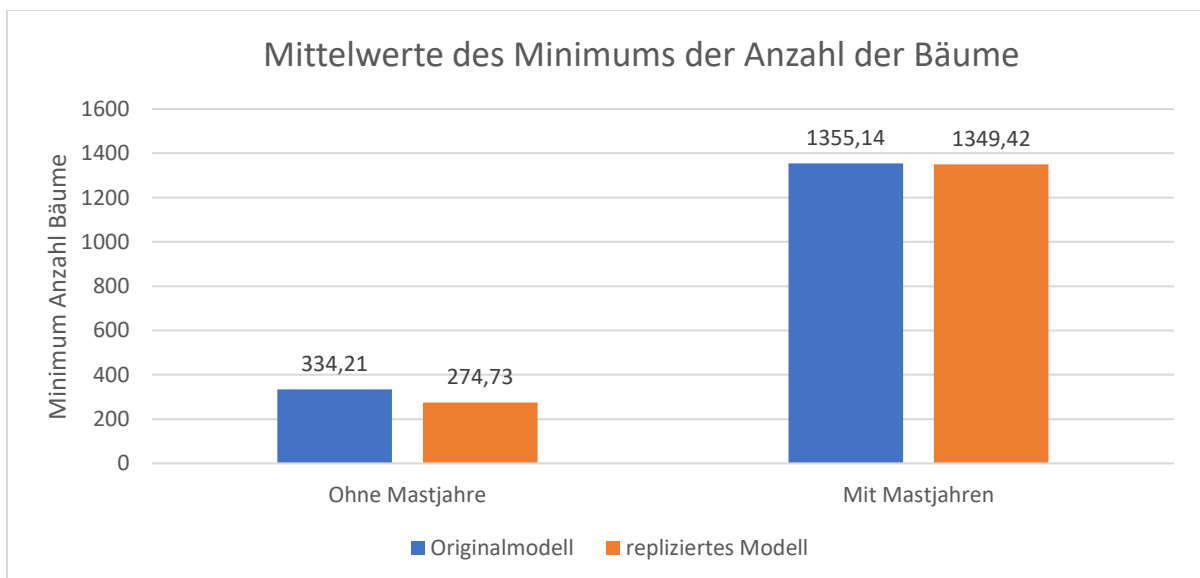


Abbildung 16: Vergleich der Mittelwerte des Minimums der Baumanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen

Die Mittelwerte des Minimums der Anzahl der Bäume unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 17,8% und im Szenario mit Mastjahren um 0,42% (Abbildung 16). Der

Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Werte sind im Originalmodell höher.

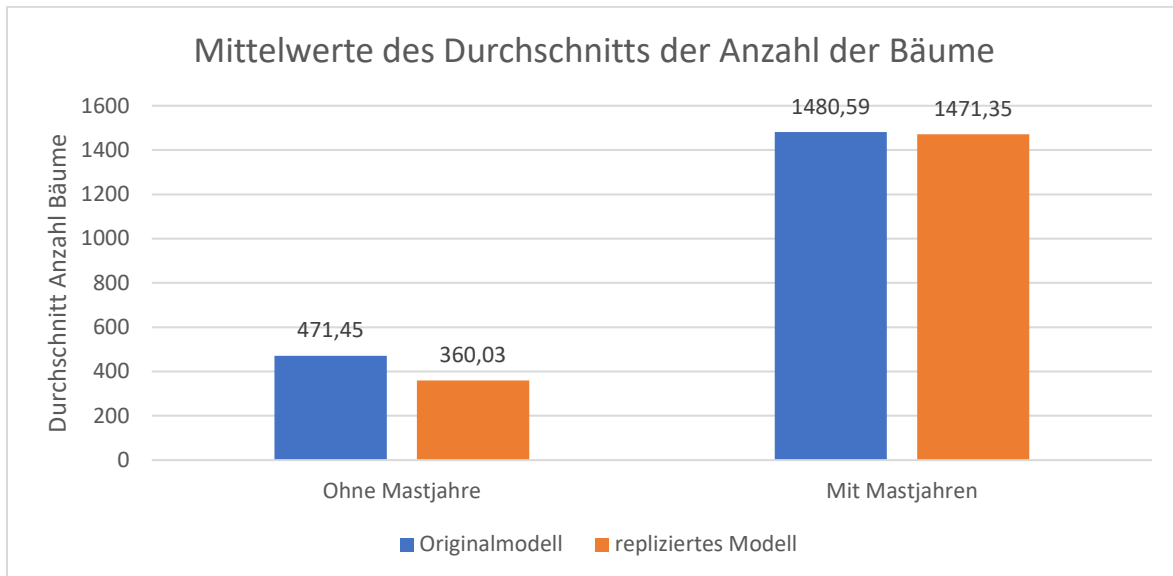


Abbildung 17: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts der Baumzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Durchschnitts der Anzahl der Bäume unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 23,63% und im Szenario mit Mastjahren um 0,62% (Abbildung 17). Der Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Mittelwerte sind im Originalmodell höher. Für beide Modelle gilt, dass die durchschnittliche Baumzahl im Szenario ohne Mastjahre sehr viel geringer ist, als im Alternativszenario.

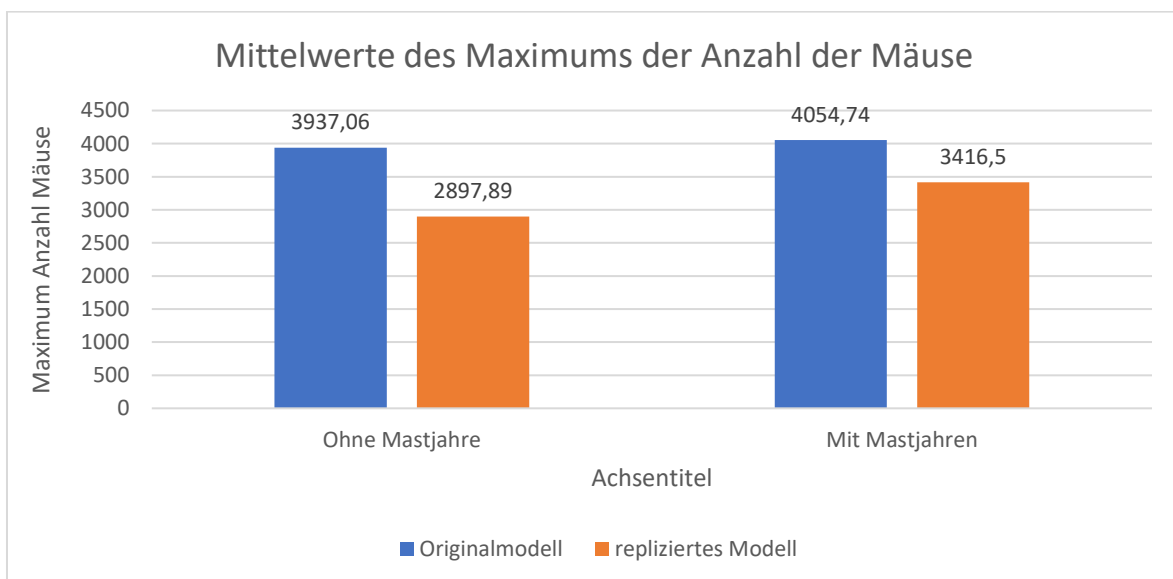


Abbildung 18: Vergleich der Mittelwerte des Maximums der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Maximums der Anzahl der Mäuse unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 26,39% und im Szenario mit Mastjahren um 15,74% (Abbildung 18). Hier ist der Mittelwertsunterschied im zweiten Szenario deutlich höher als bei der Anzahl der Bäume. Der Mittelwertsunterschied ist im ersten Szenario trotzdem größer. Alle Mittelwerte sind im Originalmodell höher.

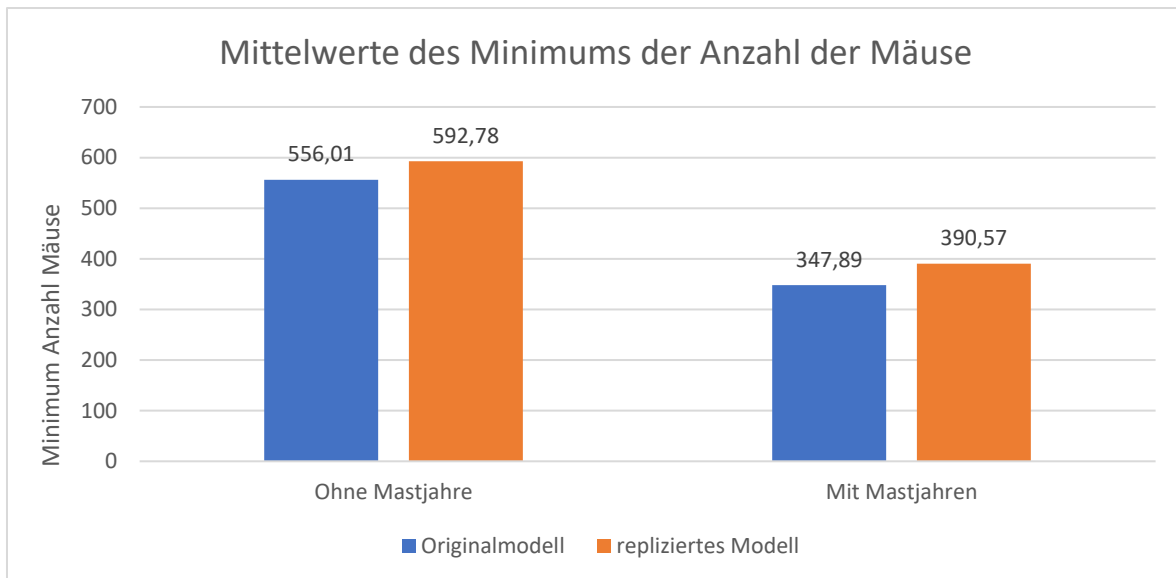


Abbildung 19: Vergleich der Mittelwerte des Minimums der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Minimums der Anzahl der Mäuse unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 6,61% und im Szenario mit Mastjahren um 12,27% (Abbildung 19). Der Mittelwertsunterschied ist im ersten Szenario also geringer, dies ist die einzige Variable, bei der dies zutrifft. Außerdem ist das Minimum der Mäuseanzahl die einzige Variable in diesen Szenarien bei der die Mittelwerte im replizierten Modell höher sind.

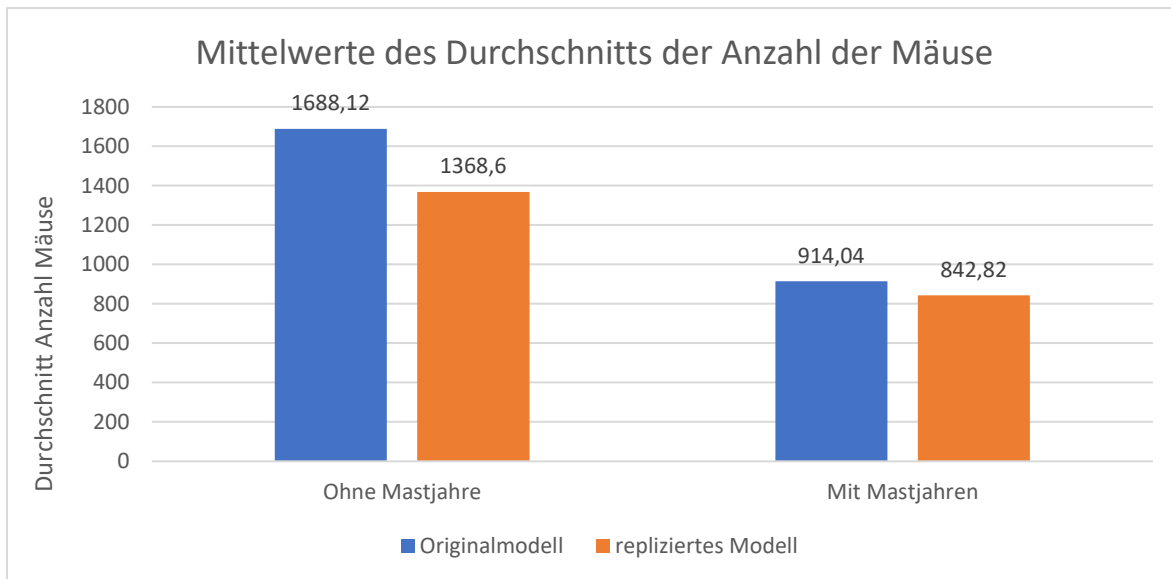


Abbildung 20: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Durchschnitts der Anzahl der Mäuse unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 18,93% und im Szenario mit Mastjahren um 7,79% (Abbildung 20). Der Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Mittelwerte sind im Originalmodell höher. In beiden Modellen ist die durchschnittliche Mäuseanzahl im Szenario ohne Mastjahre höher als im Alternativszenario.

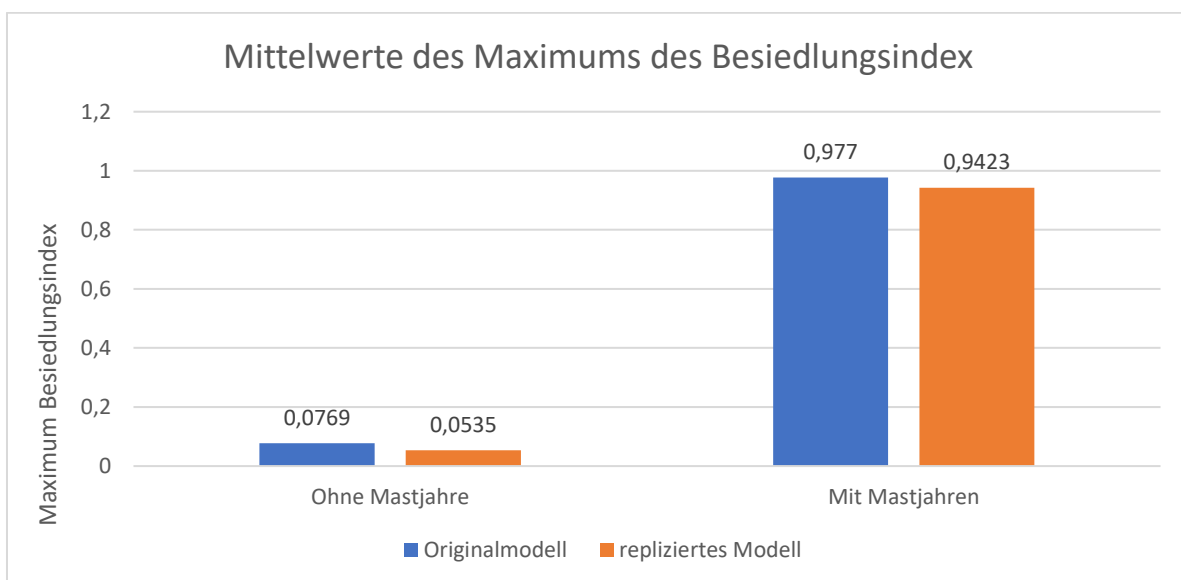


Abbildung 21: Vergleich der Mittelwerte des Maximums des Besiedlungsindex im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Maximums des Besiedlungsindex unterscheiden sich im Szenario ohne Mastjahre um 30,43% und im Szenario mit Mastjahren um 3,55% (Abbildung 21). Der Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Mittelwerte sind im Originalmodell höher.

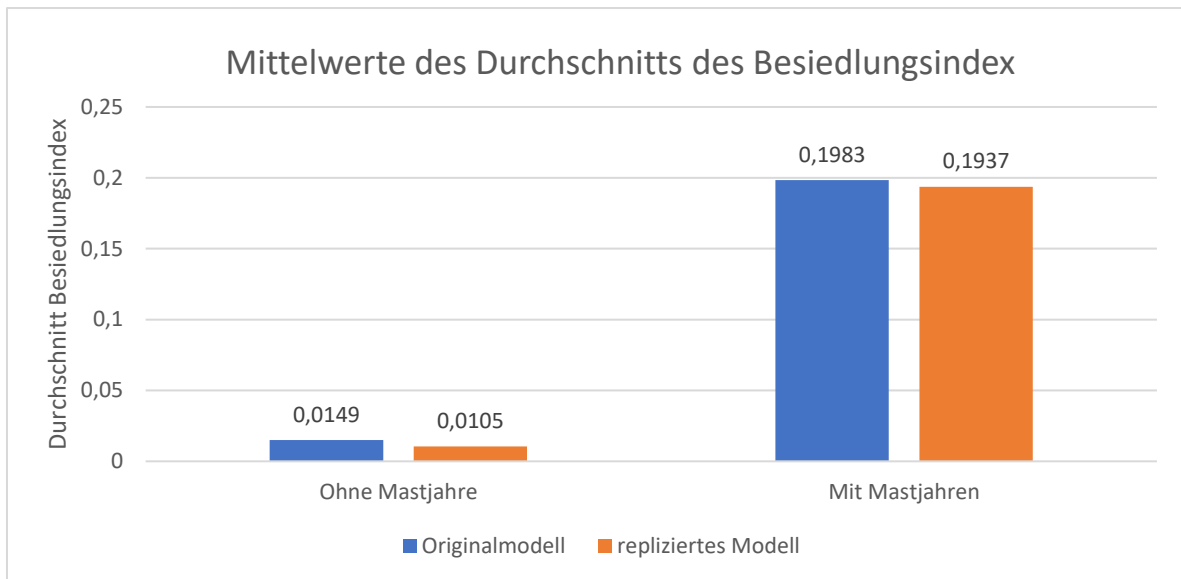


Abbildung 22: Vergleich der Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex im Szenario ohne Mastjahre und im Szenario mit Mastjahren mit den Standardeinstellungen.

Die Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex unterscheidet sich im Szenario ohne Mastjahre um 29,53% und im Szenario mit Mastjahren um 2,32% (Abbildung 22). Der Mittelwertsunterschied ist im zweiten Szenario also deutlich geringer. Alle Mittelwerte sind im Originalmodell höher. In beiden Modellen gilt, dass der durchschnittliche Besiedlungsindex im Szenario ohne Mastjahre erkennbar kleiner ist als im Szenario mit Mastjahren.

3.2. Szenario Mastfrequenz (n_y) variiert

Hier wurde die Simulation im Originalmodell und replizierten Modell mit den Standardparametern und der Einstellung Mast=TRUE verwendet. Allerdings wurde die Mastfrequenz verändert. Für jede Einstellung wurde die Simulation 100 Mal wiederholt. Die Mastfrequenz wurde zwischen zwei und acht Jahren variiert und dabei immer um ein Jahr erhöht.

Folgenden Daten wurden nach 2000 Zeitschritten verglichen:

- Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Durchschnitt des Besiedlungsindex.

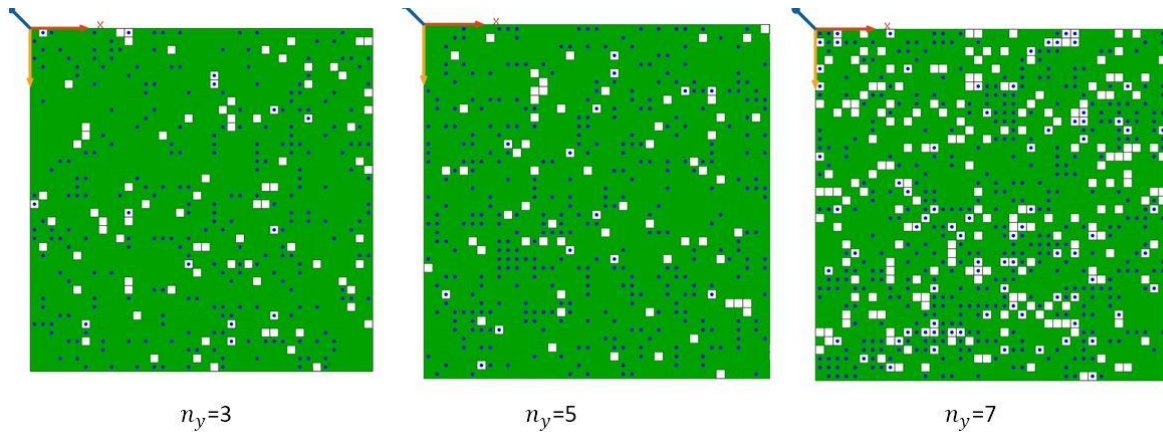


Abbildung 23: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Mastfrequenz. Im ersten Bild beträgt die Mastfrequenz drei Jahre, im zweiten Bild fünf Jahre und im dritten Bild sieben Jahre. Grüne Rechtecke stellen die Bäume dar und blaue Kreise die Mäuse.

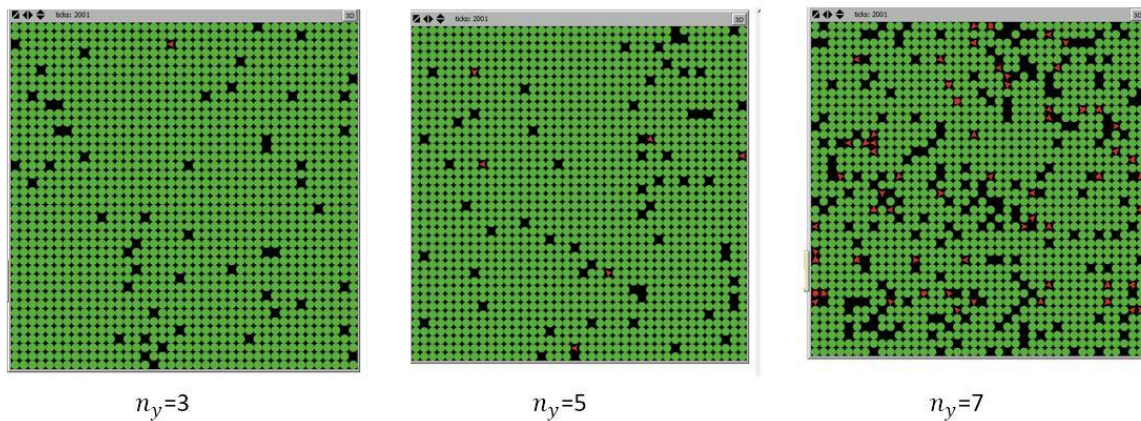


Abbildung 24: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Mastfrequenz. Im ersten Bild beträgt die Mastfrequenz drei Jahre, im zweiten Bild fünf Jahre und im dritten Bild sieben Jahre. Grüne Kreise stellen die Bäume dar und rote Dreiecke die Mäuse.

Ein visueller Vergleich der Ergebnisse (Abbildung 23, Abbildung 24) zeigt, dass diese in beiden Modellen sehr ähnlich sind. Auf beiden Abbildungen ist zu erkennen, dass sich die Anzahl der Bäume bei einer Mastfrequenz von drei und fünf Jahren wenig voneinander unterscheidet. Bei einer Frequenz von sieben Jahren zeigen beide Modelle eine weniger dichte Verbreitung der Bäume. Die Anzahl der Mäuse lässt sich optisch schlecht vergleichen, da sich diese im Originalmodell hinter den Bäumen befinden und nur sichtbar sind wenn keine Bäume vorhanden sind.

Für die Variablen wurde der Wertebereich bestimmt und ein Shapiro-Wilk-Test zur Prüfung der Normalverteilung durchgeführt. Bei Werten unter 0,05 liegt keine Normalverteilung vor.

	Wertebereich		Shapiro-Wilk-Test	
	Originalmodell	repliziertes Modell	Originalmodell	repliziertes Modell
$n_y = 2$				
Durchschnitt Bäume	1565-1570	1489-1503	0,9414	0,041
Durchschnitt Mäuse	361-392	387-419	0,3566	0,6094
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,4707-0,4879	0,3097-0,3719	0,2736	0,2853
$n_y = 3$				
Durchschnitt Bäume	1533-1544	1456-1477	0,03157	0,1049
Durchschnitt Mäuse	689-755	554-609	0,04469	0,6745
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,3224-0,3351	0,2754-0,3618	0,02013	0,3164
$n_y = 4$				
Durchschnitt Bäume	1508-1521	1429-1450	0,9817	0,2063
Durchschnitt Mäuse	624-683	629-701	0,3503	0,09501
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2504-0,2644	0,2198-0,2653	0,002565	0,00542
$n_y = 5$				
Durchschnitt Bäume	1471-1490	1417-1437	0,9134	0,2303
Durchschnitt Mäuse	878-957	781-850	0,8655	0,6103
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1949-0,2020	0,1701-0,2224	0,4741	0,8008
$n_y = 6$				
Durchschnitt Bäume	1446-1465	1368-1396	0,02121	0,2166
Durchschnitt Mäuse	844-919	834-903	0,6577	0,7043
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1636-0,1736	0,1474-0,1988	0,7529	0,905
$n_y = 7$				
Durchschnitt Bäume	1424-1443	1362-1387	0,8711	0,2035
Durchschnitt Mäuse	1047-1155	984-1073	0,3776	0,3512
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1413-0,1447	0,1209-0,1724	0,4723	0,3197
$n_y = 8$				
Durchschnitt Bäume	1392-1413	1297-1340	0,3131	0,1346
Durchschnitt Mäuse	1024-1104	974-1079	0,8176	0,794
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1154-0,1258	0,0864-0,1188	0,905	0,8085

Tabelle 7: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des zweiten Szenarios mit veränderter Mastfrequenz. Werte, bei denen der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist, sind rot markiert.

Für die meisten Werte liefert der Shapiro-Wilk Test Ergebnisse die größer sind als 0,05 und es liegt somit Normalverteilung vor (Tabelle 7), da die Stichprobe aber groß genug ist kann auch für die anderen Werte ein t-Test durchgeführt werden.

Die Wertebereiche der Variablen sind relativ ähnlich und überschneiden sich zum Teil auch. Die meisten Werte sind im Originalmodell allerdings höher.

Hier wurde ein Welch-Test für alle Variablen durchgeführt, um zu zeigen ob die Unterschiede zwischen den Modellen statistisch relevant sind. Bei einem p-Wert unter $p=0.05$ ist das der Fall.

Weiterhin wurde der Unterschied zwischen den Modellen in Prozent bestimmt.

	Mittelwert			p-Wert
	Originalmodell	repliziertes Modell	Unterschied %	
$n_y = 2$				
Durchschnitt Bäume	1567,79	1495,8	4,59%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	376,14	403,84	7,36%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,4804	0,3423	28,75%	$<2,2 e^{-16}$
$n_y = 3$				
Durchschnitt Bäume	1540,11	1468,24	4,67%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	716,18	579,58	19,07%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,3309	0,3194	3,48%	$<2,2 e^{-16}$
$n_y = 4$				
Durchschnitt Bäume	1513,85	1440,51	4,84%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	651,84	674,22	3,43%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2557	0,2401	6,1%	$<2,2 e^{-16}$
$n_y = 5$				
Durchschnitt Bäume	1481,17	1425,36	3,77%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	915,32	813,48	11,13%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1951	0,1984	1,69%	0,001013
$n_y = 6$				
Durchschnitt Bäume	1458,24	1384,24	5,07%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	880,39	866,44	1,58%	1.386e-09
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1689	0,1726	2,19%	0,001162
$n_y = 7$				
Durchschnitt Bäume	1434,81	1372,23	4,36%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1093,90	1023,65	6,42%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1428	0,1415	0,91%	0,1202
$n_y = 8$				
Durchschnitt Bäume	1401,62	1324,2	5,52%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1060,87	1022,29	3,64%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1205	0,1023	15,10%	$<2,2 e^{-16}$

Tabelle 8: Mittelwerte der Variablen des zweiten Szenarios des Original- und replizierten Modells. Weiterhin ist der Unterschied der Mittelwerte in Prozent und die Ergebnisse des Welch-Tests aufgeführt.

Bei fast allen Werten liefert der Welch-Test Ergebnisse die kleiner als 0,05 sind (Tabelle 8). Die Unterschiede zwischen den Mittelwerten sind damit statistisch relevant. Nur der Durchschnitt des

Besiedlungsindex bei einer Mastfrequenz von 7 Jahren hat einen p-Wert von 0,1202 und liegt somit über 0,05. In diesem Fall besteht zwischen den Mittelwerten kein signifikanter Unterschied.

Die Unterschiede der Mittelwerte in Prozent liegen zwischen 0,91 und 28,75%. Insgesamt sind sich die Mittelwerte des Baumdurchschnitts am ähnlichsten, alle Werte haben einen Unterschied von weniger als 6%.

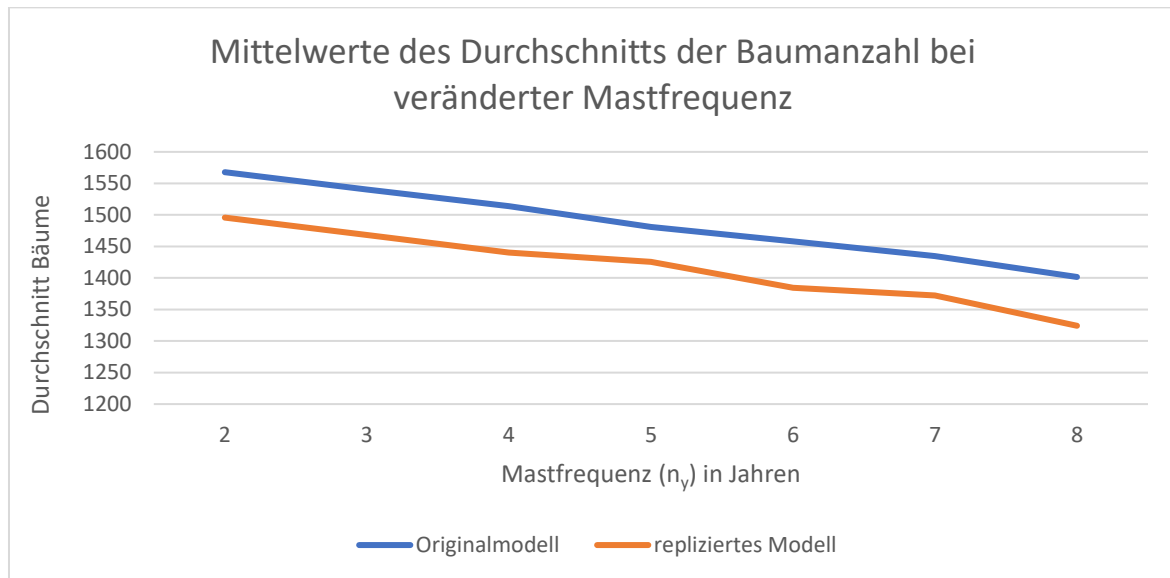


Abbildung 25: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Mastfrequenz (Jahre).

In Abbildung 25 ist zu erkennen, dass sich in beiden Modellen bei Erhöhung der Mastfrequenz die durchschnittliche Baumanzahl verringert. Ebenfalls erkennbar ist, dass die Mittelwerte des Originalmodells höher sind als die des replizierten Modells. Sie liegen kontinuierlich ungefähr um den Wert 70 über denen des replizierten Modells.

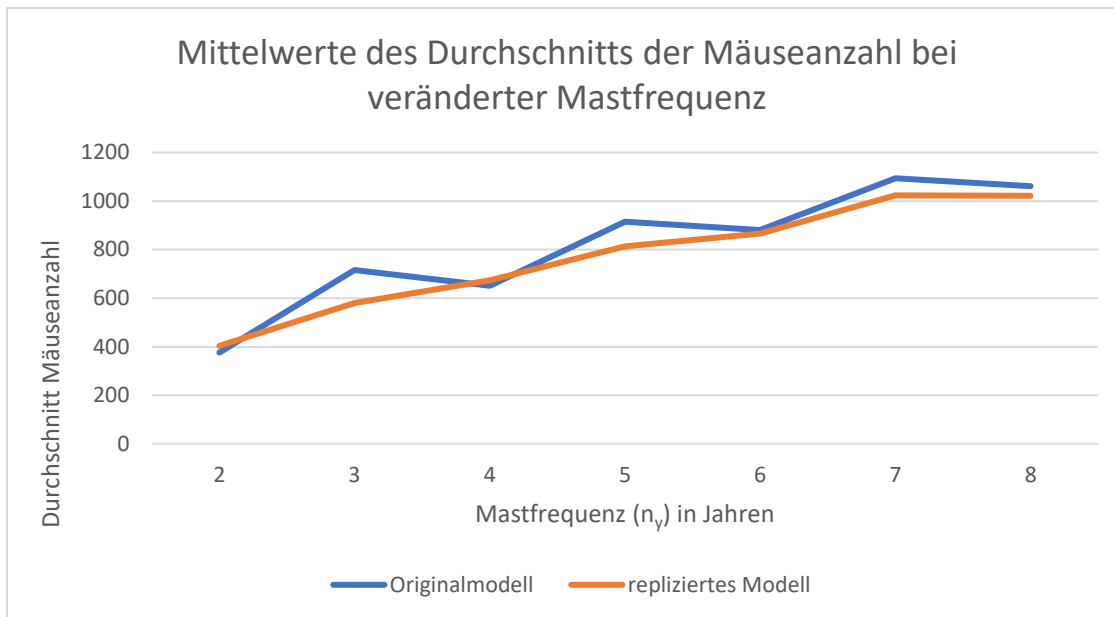


Abbildung 26: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Mastfrequenz (Jahre).

In Abbildung 26 ist erkennbar, dass in beiden Modellen die durchschnittliche Mäuseanzahl grundsätzlich bei erhöhter Mastfrequenz (n_y) steigt. Im Originalmodell steigt die Anzahl allerdings nicht stetig, sondern sinkt auch bei einigen Werten wieder leicht. Bei fast allen Mastfrequenzen liegt der Wert des Originalmodells höher als der des replizierten Modells, nur bei einer Mastfrequenz von vier Jahren ist er niedriger.

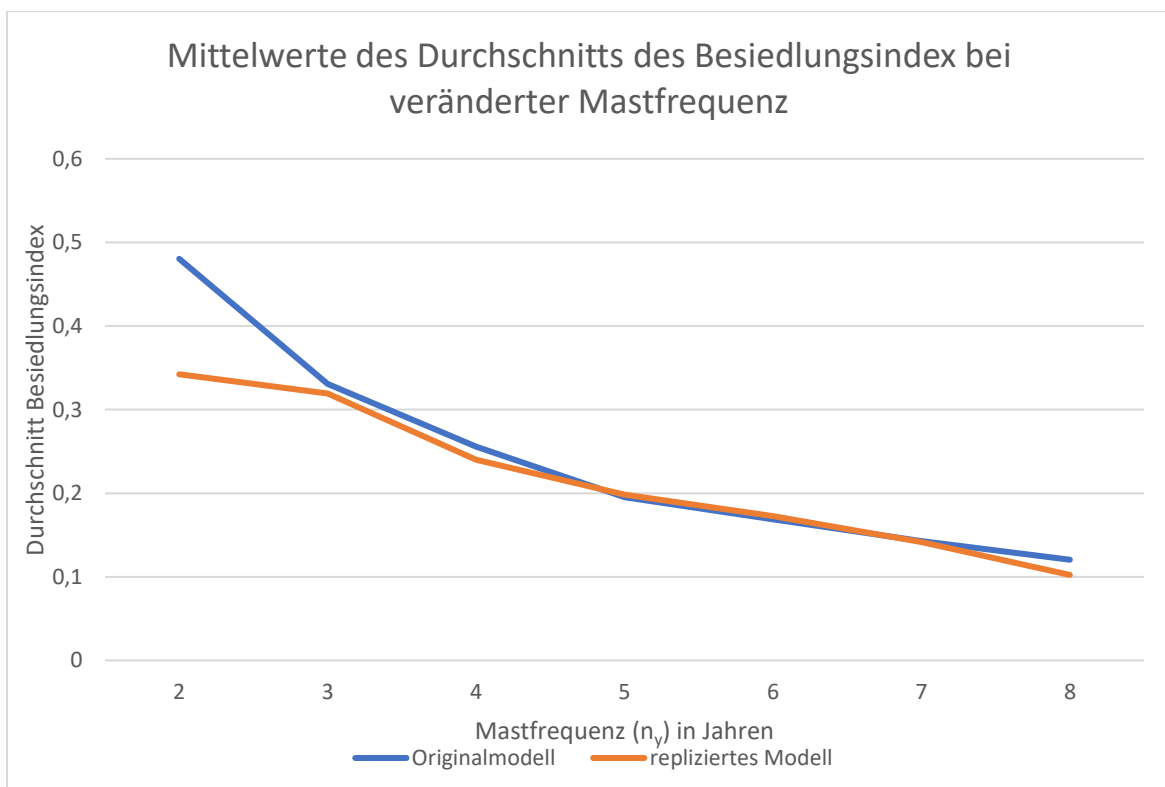


Abbildung 27: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Mastfrequenz (Jahre).

Abbildung 27 zeigt die Mittelwerte des durchschnittlichen Besiedlungsindex. Es ist zu erkennen, dass diese sich insbesondere bei Mastfrequenzen zwischen drei und sieben Jahren stark ähneln. Die Werte des Originalmodells sind in vielen Fällen etwas höher als die des replizierten Modells. Besonders bei einer Frequenz von zwei Jahren unterscheiden sich die Werte stark. Beide Modelle zeigen aber den Trend, dass der Besiedlungsindex bei Erhöhung der Mastfrequenz sinkt.

3.3.Szenario Samenverhältnis (*prop*) variiert

In diesem dritten Szenario wurde die Simulation im Originalmodell und replizierten Modell mit den Standardparametern und der Einstellung Mast=TRUE verwendet. Allerdings wurde das Samenverhältnis verändert. Für jede Einstellung wurde die Simulation 100 Mal wiederholt. Das Samenverhältnis wurde zwischen den Werten 10 und 70 variiert und dabei immer um den Wert 10 erhöht.

Folgenden Daten wurden nach 2000 Zeitschritten verglichen:

- Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Durchschnitt des Besiedlungsindex.

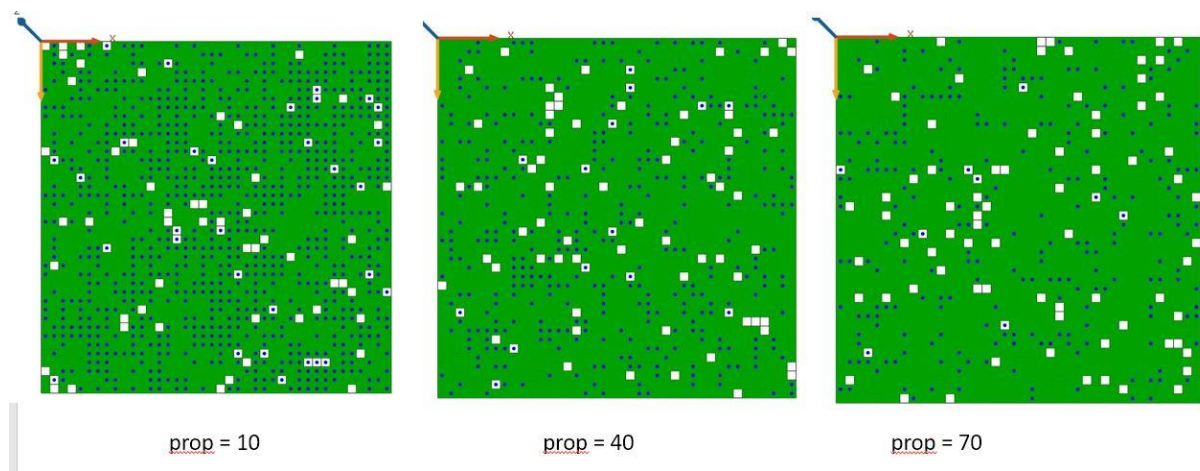


Abbildung 28: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit verändertem Samenverhältnis. Im ersten Bild beträgt das Samenverhältnis den Wert 10, im zweiten Bild den Wert 40 und im dritten Bild den Wert 70. Grüne Rechtecke stellen die Bäume dar und blaue Kreise die Mäuse.

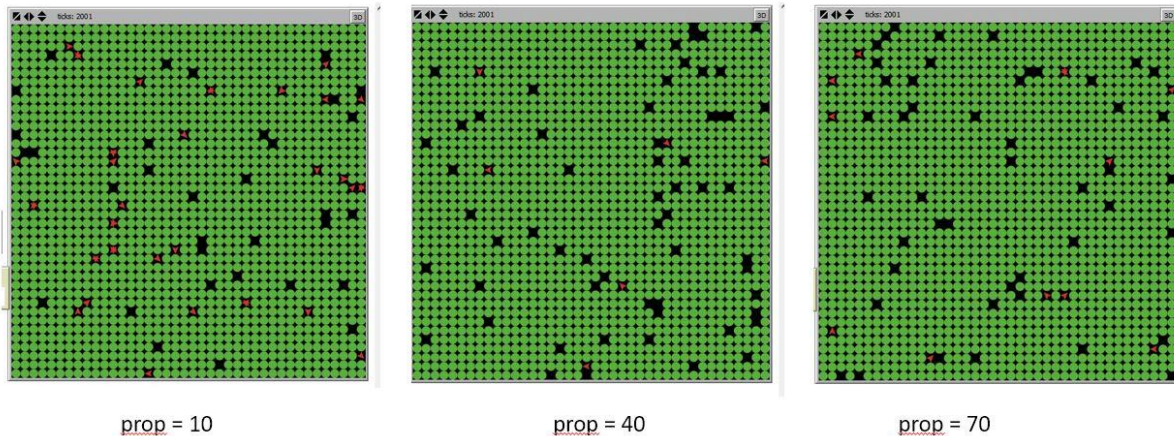


Abbildung 29: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit verändertem Samenverhältnis. Im ersten Bild beträgt das Samenverhältnis den Wert 10, im zweiten Bild den Wert 40 und im dritten Bild den Wert 70. Grüne Kreise stellen die Bäume dar und rote Dreiecke die Mäuse.

Die Abbildung 28 Abbildung 29 zeigen die Ergebnisse der Simulationen mit verändertem Samenverhältnis. Die Anzahl der Bäume scheint sich in beiden Modellen auch bei erhöhtem Samenverhältnis nicht zu verändern, sie ist in allen Szenarien sehr hoch. Im replizierten Modell (Abbildung 28) ist zu sehen, dass sich die Anzahl der Mäuse mit erhöhtem Samenverhältnis verringert. Im Originalmodell ist dies nicht erkennbar, da die Mäuse hinter den Bäumen dargestellt werden.

Für die Variablen wurde der Wertebereich bestimmt und ein Shapiro-Wilk-Test zur Prüfung der Normalverteilung durchgeführt. Bei Werten unter 0,05 liegt keine Normalverteilung vor.

	Wertebereich		Shapiro-Wilk-Test	
	Originalmodell	repliziertes Modell	Originalmodell	repliziertes Modell
prop=10				
Durchschnitt Bäume	1469-1486	1456-1475	0,01133	0,002103
Durchschnitt Mäuse	2740-3013	2547-2842	0,7158	0,2771
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1910-0,1977	0,1795-0,1907	0,2344	0,04248
prop=20				
Durchschnitt Bäume	1473-1487	1459-1477	0,3762	0,0137
Durchschnitt Mäuse	1615-1760	1522-1649	0,8668	0,8178
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1905-0,1984	0,1811-0,1912	0,2983	0,09052
prop=30				
Durchschnitt Bäume	1474-1487	1459-1479	0,4029	0,3704
Durchschnitt Mäuse	1115-1222	1062-1170	0,1838	0,0334
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1928-0,1994	0,1851-0,1985	0,3064	0,6517

prop=40				
Durchschnitt Bäume	1472-1491	1464-1481	0,9323	0,2649
Durchschnitt Mäuse	862-960	805-881	0,1702	0,05944
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1938-0,2020	0,1891-0,1993	0,2516	0,3706
prop=50				
Durchschnitt Bäume	1473-1488	1465-1479	0,9435	0,03683
Durchschnitt Mäuse	709-769	654-712	0,4071	0,3936
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1967-0,2042	0,1922-0,2056	0,4772	0,759
prop=60				
Durchschnitt Bäume	1473-1489	1465-1485	0,2653	0,3742
Durchschnitt Mäuse	594-658	542-589	0,6934	0,1191
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1991-0,2075	0,1995-0,2169	0,5304	0,2687
prop=70				
Durchschnitt Bäume	1476-1490	1472-1487	0,4906	0,2665
Durchschnitt Mäuse	515-567	459-507	0,7472	0,4541
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2021-0,2105	0,2118-0,2245	0,1063	0,1547

Tabelle 9: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des dritten Szenarios mit verändertem Samenverhältnis. Werte, bei denen der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist, sind rot markiert.

Für die meisten Werte liegt eine Normalverteilung vor (Tabelle 9), da die Stichprobe aber groß genug ist kann auch für die anderen Werte ein t-Test durchgeführt werden. Auffällig ist, dass sich die Wertebereiche für den Durchschnitt der Bäume in beiden Modellen kaum ändern, die Werte des Originalmodells liegen dabei über denen des replizierten Modells. Der Wertebereich des Durchschnitts der Mäuseanzahl verändert sich allerdings stark und reduziert sich bei Erhöhung des Samenverhältnisses. Auch diese Werte sind im Originalmodell höher. Lediglich der Besiedlungsindex weist bei hohem Samenverhältnis (prop =60/70) im replizierten Modell höhere Wertebereiche auf.

Hier wurde ein Welch-Test für alle Variablen durchgeführt, um zu zeigen ob die Unterschiede zwischen den Modellen statistisch relevant sind. Bei einem p-Wert unter $p=0,05$ ist das der Fall.

Weiterhin wurde der Unterschied zwischen den Modellen in Prozent bestimmt.

	Mittelwert			p-Wert
	Originalmodell	repliziertes Modell	Unterschied %	
prop=10				
Durchschnitt Bäume	1479,74	1468,29	0,77%	$<2,2 \cdot 10^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	2901,63	2724,35	6,11%	$<2,2 \cdot 10^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1944	0,1855	4,58%	$<2,2 \cdot 10^{-16}$

prop=20				
Durchschnitt Bäume	1479,53	1469,51	0,68%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1681,46	1583,53	5,82%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1950	0,1872	4,00%	$<2,2 e^{-16}$
prop=30				
Durchschnitt Bäume	1480,33	1470,5	0,66%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1183,57	1106,06	6,55%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1963	0,1901	3,16%	$<2,2 e^{-16}$
prop=40				
Durchschnitt Bäume	1480,98	1471,56	0,64%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	913,79	841,43	7,92%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1983	0,1939	2,22%	$<2,2 e^{-16}$
prop=50				
Durchschnitt Bäume	1481,87	1473,4	0,57%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	742,8	684,97	7,79%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2005	0,1998	0,35%	0,01291
prop=60				
Durchschnitt Bäume	1482,48	1475,86	0,45%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	627,64	565,07	9,97%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2031	0,2078	2,31%	$<2,2 e^{-16}$
prop=70				
Durchschnitt Bäume	1483,4	1480,42	0,2%	$4,65 e^{-11}$
Durchschnitt Mäuse	542,14	482,34	11,03%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2059	0,2184	6,07%	$<2,2 e^{-16}$

Tabelle 10: Mittelwerte der Variablen des dritten Szenarios des Original- und replizierten Modells. Weiterhin ist der Unterschied der Mittelwerte in Prozent und die Ergebnisse des Welch-Tests aufgeführt.

Der Welch-Test hatte für alle Variablen p-Werte die kleiner als 0,05 sind. Die Unterschiede zwischen den Mittelwerten sind somit statistisch relevant. Die prozentualen Unterschiede der Mittelwerte schwanken zwischen 0,2 und 11,03% und sind somit relativ klein. Die größten Unterschiede zeigen die Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl. Die geringsten Unterschiede haben die Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl, diese liegen alle unter 1%.

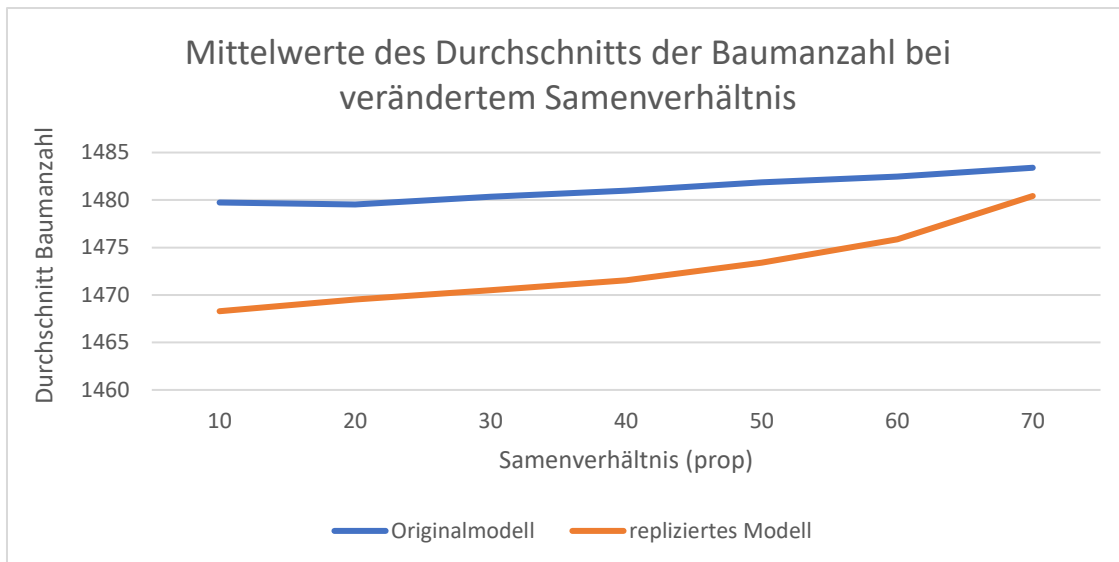


Abbildung 30: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (*prop*).

In Abbildung 30 ist zu sehen, dass sich die durchschnittliche Anzahl der Bäume mit Erhöhung des Samenverhältnisses (*prop*) nur wenig verändert. In beiden Modellen steigt die Baumanzahl leicht an. Die Werte des Originalmodells sind dabei alle höher als die Werte des replizierten Modells. Der Unterschied zwischen den beiden Modellen ist bei einem Samenverhältnis von 70 am geringsten.

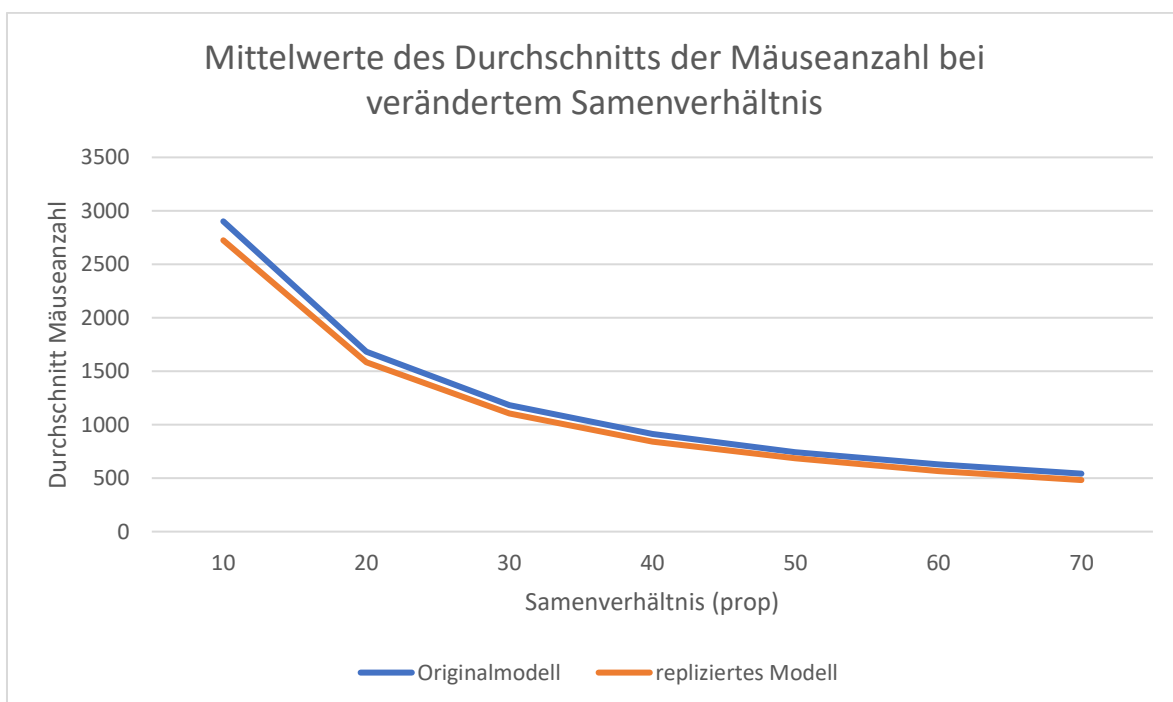


Abbildung 31: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (*prop*).

Die durchschnittliche Anzahl der Mäuse reduziert sich mit Erhöhung des Samenverhältnisses stark (Abbildung 31). Diese Beobachtung tritt in beiden Modellen auf. Die Mittelwerte des Originalmodells liegen dabei konstant über denen des replizierten Modells.

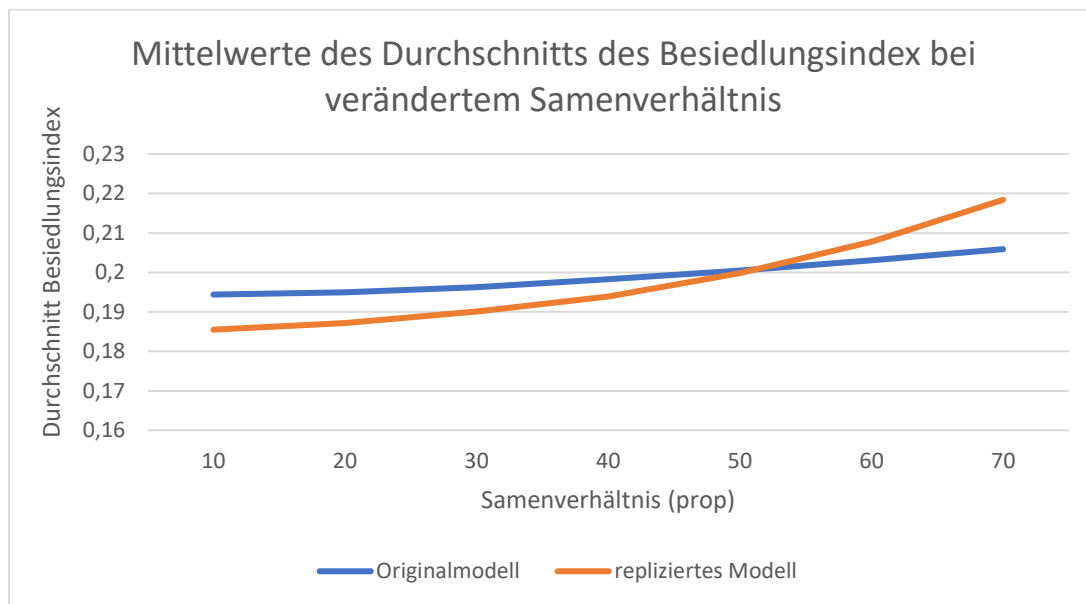


Abbildung 32: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei verändertem Verhältnis zwischen Samen in einem normalen und einem Mastjahr (*prop*).

Die Mittelwerte des durchschnittlichen Besiedlungsindex sind in Abbildung 32 dargestellt. In beiden Modellen steigen die Werte bei Erhöhung des Samenverhältnisses (*prop*) an. Im Originalmodell ist dieser Anstieg geringer als im replizierten Modell. Für niedrige Verhältniswerte liegen die Mittelwerte des Originalmodells über denen des replizierten Modells. Aufgrund des stärkeren Anstiegs der Werte des replizierten Modells, liegen dessen Mittelwerte bei den hohen Verhältniswerten (*prop*=60/70) über denen des Originalmodells.

3.4.Szenario maximale Anzahl der essbaren Samen (S_{max}) variiert

Im vierten Szenario wurde die Simulation im Originalmodell und replizierten Modell mit den Standardparametern und der Einstellung Mast=TRUE verwendet. Allerdings wurde die Anzahl der von den Mäusen essbaren Samen (S_{max}) verändert. Für jede Einstellung wurde die Simulation 100 Mal wiederholt. Die Samenanzahl wurde zwischen den Werten 20 und 60 variiert und dabei immer um den Wert 10 erhöht.

Folgenden Daten wurden nach 2000 Zeitschritten verglichen:

- Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Durchschnitt der Anzahl der Mäuse

- Durchschnitt des Besiedlungsindex.

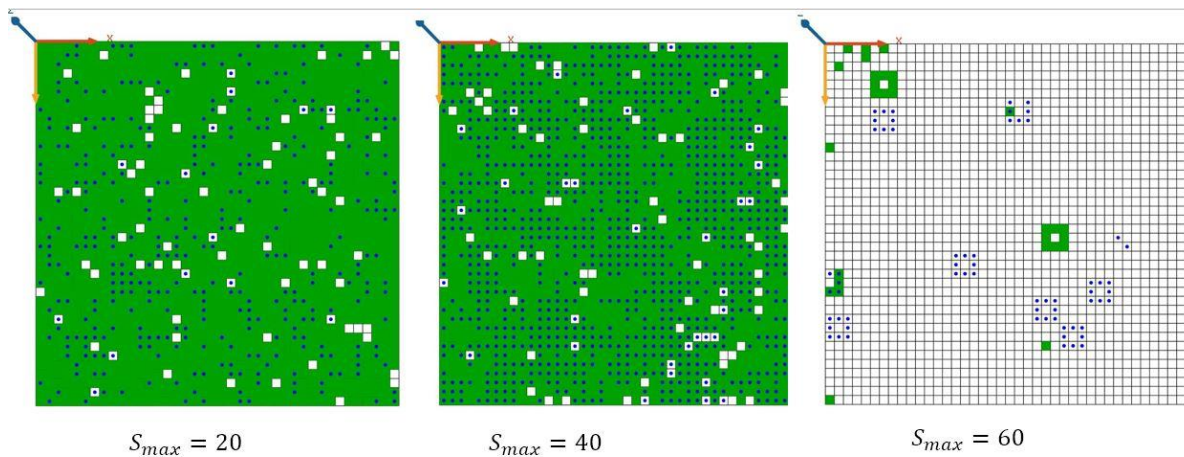


Abbildung 33: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Samenanzahl (S_{max}). Im ersten Bild beträgt die Samenanzahl den Wert 20, im zweiten Bild den Wert 40 und im dritten Bild den Wert 60. Grüne Rechtecke stellen die Bäume dar und blaue Kreise die Mäuse.

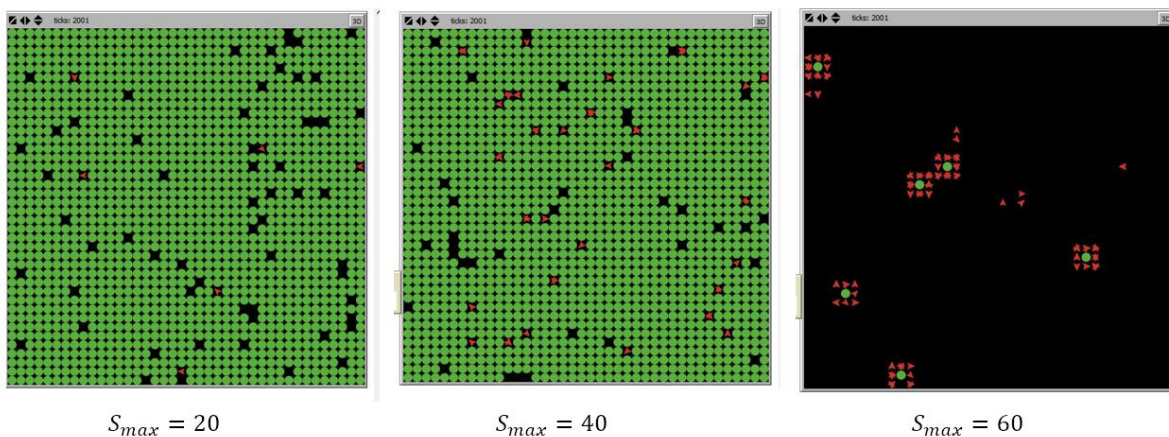


Abbildung 34: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Samenanzahl (S_{max}). Im ersten Bild beträgt die Samenanzahl den Wert 20, im zweiten Bild den Wert 40 und im dritten Bild den Wert 60. Grüne Kreise stellen die Bäume dar und rote Dreiecke die Mäuse.

In den Abbildung 33 Abbildung 34 sind die Ergebnisse der Simulationen mit veränderter Samenanzahl (S_{max}) dargestellt. Die Ergebnisse des Originalmodells und des replizierten Modells ähneln sich dabei sehr stark. In beiden Modellen sind für eine Samenanzahl von 20 und 40 sehr viele Bäume vorhanden. Bei einem Wert von $S_{max}=60$ sind hingegen kaum noch Bäume zu sehen. Im replizierten Modell (Abbildung 33) ist zu erkennen, dass sich die Anzahl der Mäuse bei einer Samenanzahl von 40 stark erhöht. Für den letzten Wert zeigen beide Modelle eine geringe Anzahl an Mäusen, diese befinden sich in der Nähe von Bäumen und an Stellen an denen vermutlich vorher noch Bäume waren.

Für die Variablen wurde der Wertebereich bestimmt und ein Shapiro-Wilk-Test zur Prüfung der Normalverteilung durchgeführt. Bei Werten unter 0,05 liegt keine Normalverteilung vor.

	Wertebereich		Shapiro-Wilk-Test	
	Originalmodell	repliziertes Modell	Originalmodell	repliziertes Modell
$S_{max} = 20$				
Durchschnitt Bäume	1473-1489	1461-1482	0,8395	0,4473
Durchschnitt Mäuse	864-957	791-895	0,7864	0,1827
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1948-0,2018	0,1891-0,1987	0,4145	0,3455
$S_{max} = 30$				
Durchschnitt Bäume	1470-1489	1458-1478	0,09661	0,05731
Durchschnitt Mäuse	1177-1300	1124-1219	0,1245	0,4368
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1925-0,1985	0,1817-0,1915	0,5614	0,8677
$S_{max} = 40$				
Durchschnitt Bäume	1470-1485	1460-1476	0,02596	0,3107
Durchschnitt Mäuse	1665-1818	2213-2401	0,03996	0,1351
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1909-0,1974	0,1794-0,1882	0,1784	0,02057
$S_{max} = 50$				
Durchschnitt Bäume	273-488	107-299	0,2999	0,364
Durchschnitt Mäuse	1240-2341	1036-1951	0,3337	0,4014
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,0104-0,0204	0,0041-0,0144	0,3324	0,7313
$S_{max} = 60$				
Durchschnitt Bäume	27-64	22-57	0,000421	0,0005562
Durchschnitt Mäuse	978-1668	1054-1955	0,157	0,09471
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,000007-0,0001	0,0-0,0008	5,305 e ⁻⁰⁸	1,023 e ⁻¹²

Tabelle 11: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des vierten Szenarios mit veränderter Samenanzahl. Werte, bei denen der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist, sind rot markiert.

Für die meisten Werte liegt eine Normalverteilung vor (Tabelle 11), da die Stichprobe aber groß genug ist kann auch für die anderen Werte ein t-Test durchgeführt werden. Für niedrige S_{max} -Werte liegen die Wertebereiche der Modelle relativ nah beieinander. Je höher die Samenanzahl ist desto eher unterscheiden sich diese Werte. Insbesondere der Besiedlungsindex weist zwischen den Modellen große Unterschiede auf.

Hier wurde ein Welch-Test für alle Variablen durchgeführt, um zu zeigen ob die Unterschiede zwischen den Modellen statistisch relevant sind. Bei einem p-Wert unter $p=.05$ ist das der Fall. Weiterhin wurde der Unterschied zwischen den Modellen in Prozent bestimmt.

	Mittelwert			
	Originalmodell	repliziertes Modell	Unterschied %	p-Wert
$S_{max} = 20$				
Durchschnitt Bäume	1480,78	1472,34	0,57%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	915,37	842,71	7,94%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1985	0,1943	2,12%	$<2,2 e^{-16}$
$S_{max} = 30$				
Durchschnitt Bäume	1480,26	1469,38	0,74%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1236,77	1173,06	5,15%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1957	0,1865	4,70%	$<2,2 e^{-16}$
$S_{max} = 40$				
Durchschnitt Bäume	1479,19	1468,20	0,74%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1758,99	2321,62	31,99%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1944	0,1850	4,84%	$<2,2 e^{-16}$
$S_{max} = 50$				
Durchschnitt Bäume	366,57	200,1	45,41%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	1710,92	1442,63	15,68%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,0151	0,0086	43,05%	$<2,2 e^{-16}$
$S_{max} = 60$				
Durchschnitt Bäume	40,3	34,76	13,75%	$2,368 e^{-07}$
Durchschnitt Mäuse	1260,42	1493,07	18,46%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,0003	0,0001	66,67%	$4,858 e^{-07}$

Tabelle 12: Mittelwerte der Variablen des vierten Szenarios des Original- und replizierten Modells. Weiterhin ist der Unterschied der Mittelwerte in Prozent und die Ergebnisse des Welch-Tests aufgeführt.

Die Ergebnisse des Welch-Test zeigen, dass kein Wert höher ist als 0,05 (Tabelle 12). Die Unterschiede zwischen den Mittelwerten sind somit statistisch relevant. Die geringsten prozentualen Unterschiede zwischen den Mittelwerten finden sich beim Durchschnitt der Baumanzahl bei niedrigen S_{max} -Werten. Bei Erhöhung der Samenanzahl steigen die Unterschiede für alle Variablen. Insbesondere der Besiedlungsindex unterscheidet sich bei S_{max} -Werten von 50 und 60 sehr stark (43,05 und 66,67%). Mit Ausnahme einiger Werte für den Durchschnitt der Mäuseanzahl ($S_{max} = 40/60$), liegen die Mittelwerte des Originalmodells über denen des replizierten Modells.

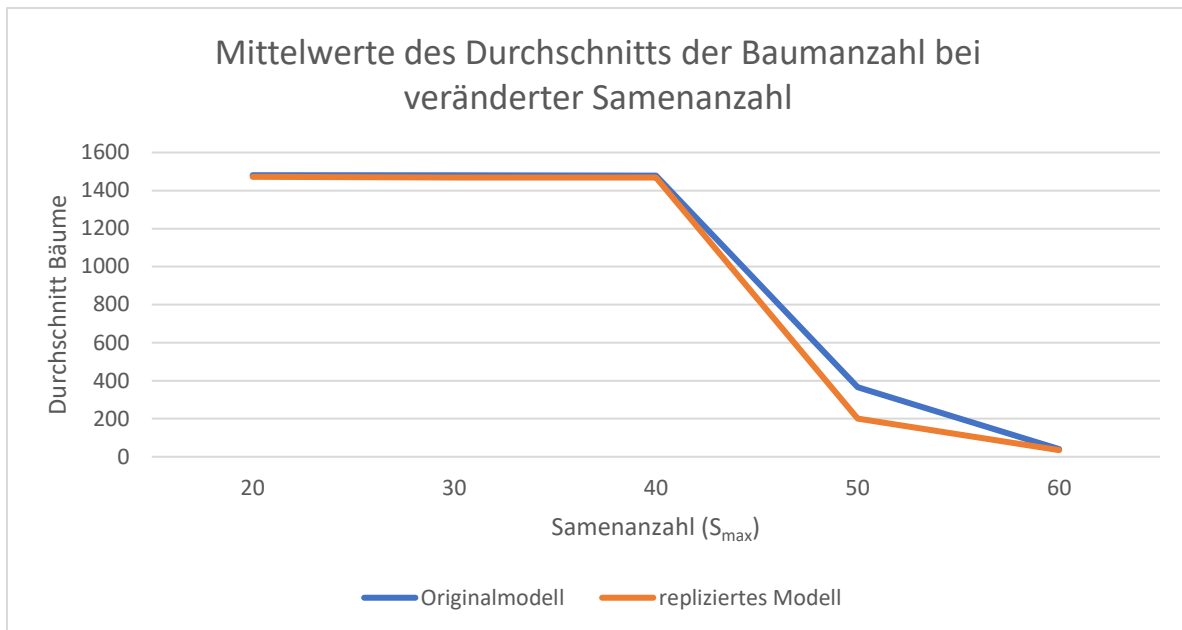


Abbildung 35: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).

Abbildung 35 zeigt die Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Samenanzahl (S_{max}). Es ist zu erkennen, dass die Mittelwerte des Originalmodells höher sind als die des replizierten Modells. Auffällig ist der vergleichsweise große Unterschied zwischen den Modellen bei einem S_{max} -Wert von 50, die anderen Mittelwerte sind sich sehr ähnlich. Beide Modelle zeigen eine relativ konstante Anzahl an Bäumen bei S_{max} -Werten bis 40, bei höherer Samenanzahl sinkt die Anzahl der Bäume sehr schnell.

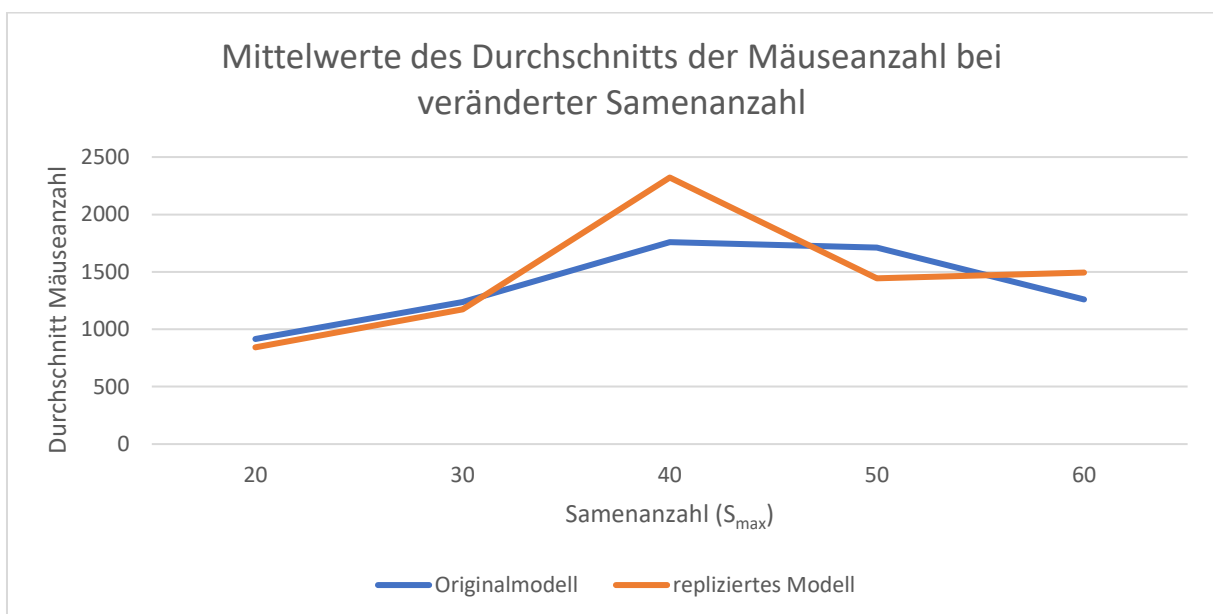


Abbildung 36: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).

Die durchschnittliche Mäuseanzahl bei veränderter Samenanzahl (S_{max}) ist in Abbildung 36 dargestellt. Die Mittelwerte des Originalmodells sind für die S_{max} -Werte 20, 30 und 50 höher als die des replizierten Modells. Beide Modelle zeigen einen Anstieg der Anzahl der Mäuse bis zu dem S_{max} -Wert 40. Bei höheren Werten fallen die Mäusezahlen wieder. Bei einer Samenanzahl von 40 unterscheiden sich die Modelle am meisten, der Mittelwert des replizierten Modells liegt hier deutlich über dem des Originalmodells.

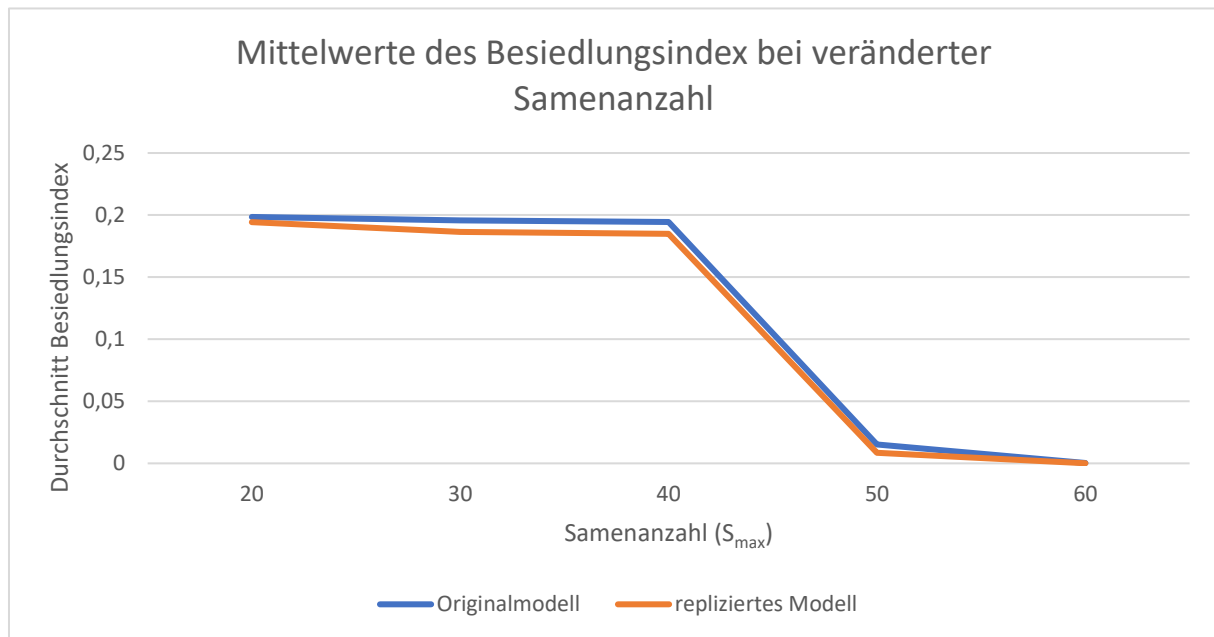


Abbildung 37: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Anzahl der Samen die in einem Zeitschritt von einer Maus gegessen werden können (S_{max}).

In Abbildung 37 ist die Entwicklung der Mittelwerte des Besiedlungsindex bei veränderter Samenanzahl zu sehen. Anders als die prozentualen Unterschiede vermuten lassen (Tabelle 12), liegen die Werte des Originalmodells und des replizierten Modells hier sehr dicht beieinander. Da die Werte sehr klein sind fallen die Unterschiede prozentual sehr hoch aus, absolut sind die Werte aber sehr ähnlich. Die Mittelwerte des Originalmodells sind auch hier höher als die des replizierten Modells. Der Besiedlungsindex verläuft in beiden Modellen bei niedrigen S_{max} -Werten relativ konstant, sinkt aber bei einem Wert von 50 sehr stark ab.

3.5.Szenario Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse ($pred$) variiert

Hier wurde die Simulation im Originalmodell und replizierten Modell mit den Standardparametern und der Einstellung Mast=TRUE verwendet. Allerdings wurde die Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse ($pred$) verändert. Für jede Einstellung wurde die Simulation 100 Mal wiederholt. Die

Todeswahrscheinlichkeit wurde zwischen den Werten 0,0 und 0,12 variiert und dabei immer um den Wert 0,02 erhöht.

Folgenden Daten wurden nach 2000 Zeitschritten verglichen:

- Durchschnitt der Anzahl der Bäume
- Durchschnitt der Anzahl der Mäuse
- Durchschnitt des Besiedlungsindex.

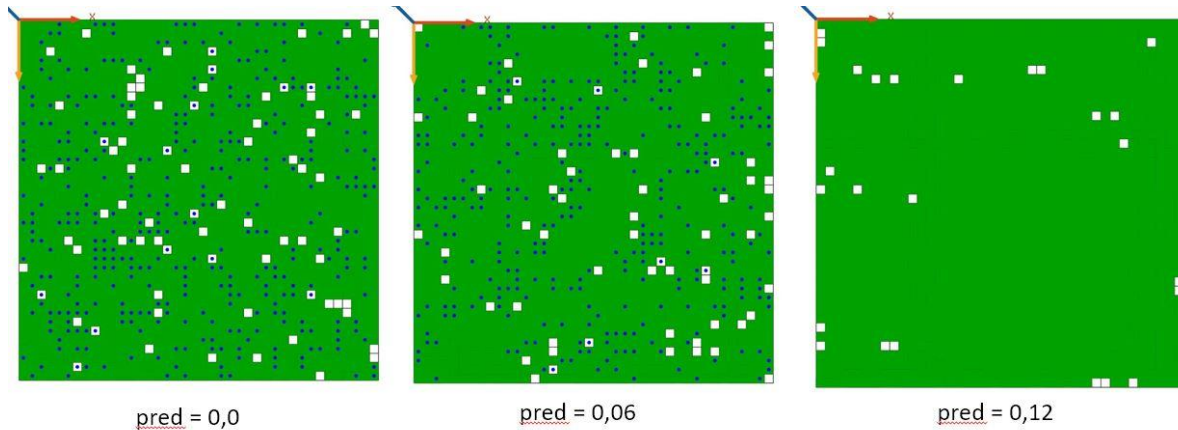


Abbildung 38: Ergebnisse der Simulationen des replizierten Modells mit veränderter Todeswahrscheinlichkeit ($pred$). Im ersten Bild beträgt die Todeswahrscheinlichkeit den Wert 0,0, im zweiten Bild den Wert 0,06 und im dritten Bild den Wert 0,12. Grüne Rechtecke stellen die Bäume dar und blaue Kreise die Mäuse.

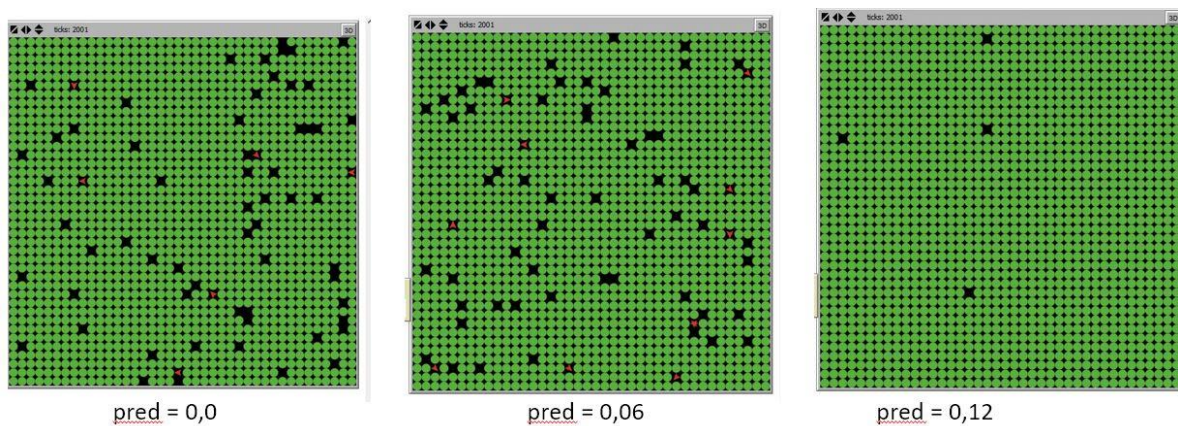


Abbildung 39: Ergebnisse der Simulationen des Originalmodells mit veränderter Todeswahrscheinlichkeit ($pred$). Im ersten Bild beträgt die Todeswahrscheinlichkeit den Wert 0,0, im zweiten Bild den Wert 0,06 und im dritten Bild den Wert 0,12. Grüne Kreise stellen die Bäume dar und rote Dreiecke die Mäuse.

Die Abbildung 38 und Abbildung 39 zeigen die Ergebnisse der Simulationen mit veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse ($pred$). In beiden Modellen ist zu erkennen, dass die Anzahl der Bäume sich wenig verändert, bei einer Todeswahrscheinlichkeit von 0,12 ist sie etwas erhöht. Die Anzahl der Mäuse lässt sich auf den Bildern des Originalmodells schlecht erkennen, da diese hinter den Bäumen dargestellt werden. Im replizierten Modell ist aber gut zu erkennen, dass sich diese mit

erhöhter Todeswahrscheinlichkeit reduziert. Bei einem *pred*-Wert von 0,06 ist die Mäuseanzahl nur leicht reduziert. Ein *pred*-Wert von 0,12 führt hingegen zum vollständigen Verschwinden der Mäuse.

Für die Variablen wurde der Wertebereich bestimmt und ein Shapiro-Wilk-Test zur Prüfung der Normalverteilung durchgeführt. Bei Werten unter 0,05 liegt keine Normalverteilung vor.

	Wertebereich		Shapiro-Wilk-Test	
	Originalmodell	repliziertes Modell	Originalmodell	repliziertes Modell
pred=0,0				
Durchschnitt Bäume	1474-1488	1463-1478	0,4743	0,2224
Durchschnitt Mäuse	884-951	809-882	0,128	0,543
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1953-0,2025	0,1874-0,1986	0,5353	0,5166
pred=0,02				
Durchschnitt Bäume	1476-1490	1465-1486	0,2457	0,4945
Durchschnitt Mäuse	762-825	690-761	0,7916	0,3806
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2003-0,2099	0,1982-0,2110	0,5713	0,5862
pred=0,04				
Durchschnitt Bäume	1481-1497	1473-1493	0,364	0,1948
Durchschnitt Mäuse	641-713	589-652	0,1483	0,6365
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2163-0,2397	0,2222-0,2422	0,03946	0,2856
pred=0,06				
Durchschnitt Bäume	1491-1505	1488-1506	0,9251	0,0003454
Durchschnitt Mäuse	558-603	509-554	0,8333	0,3207
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2362-0,2660	0,2615-0,2970	0,29	0,4168
pred=0,08				
Durchschnitt Bäume	1513-1525	1517-1535	0,4245	0,09324
Durchschnitt Mäuse	470-510	418-459	0,8849	0,6805
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,3132-0,3501	0,3618-0,4125	0,1118	0,8334
pred=0,10				
Durchschnitt Bäume	1558-1573	1564-1579	0,2965	0,1346
Durchschnitt Mäuse	340-397	118-250	0,5584	0,0004479
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,5544-0,6618	0,6083-0,7322	0,458	0,9268
pred=0,12				
Durchschnitt Bäume	1593-1598	1573-1586	0,1027	0,01051
Durchschnitt Mäuse	0	0	/	/

Durchschnitt Besiedlungsindex	0,9039-0,9595	0,6783-0,8014	0,3076	0,1955
--	---------------	---------------	--------	--------

Tabelle 13: Wertebereich und Ergebnisse des Shapiro-Wilk Tests für die gemessenen Variablen des fünften Szenarios mit veränderter Samenanzahl. Werte, bei denen der Shapiro-Wilk Test signifikant geworden ist, sind rot markiert.

Für die meisten Werte liegt eine Normalverteilung vor (Tabelle 13), da die Stichprobe aber groß genug ist kann auch für die anderen Werte ein t-Test durchgeführt werden. Die Wertebereiche sind im Originalmodell in den meisten Fällen höher als im replizierten Modell. Für den Durchschnitt der Baumanzahl überschneiden sich die Wertebereiche in den meisten Fällen. Bei einem *pred*-Wert von 0,12 treten keine Mäuse mehr auf, der Durchschnittswert ist daher in allen Fällen 0. Die Werte sind hier identisch, daher wird für diesen kein t-Test mehr durchgeführt.

Hier wurde ein Welch-Test für fast alle Variablen durchgeführt, um zu zeigen ob die Unterschiede zwischen den Modellen statistisch relevant sind. Bei einem p-Wert unter $p=0.05$ ist das der Fall.

Weiterhin wurde der Unterschied zwischen den Modellen in Prozent bestimmt.

	Mittelwert			
	Originalmodell	repliziertes Modell	Unterschied %	p-Wert
pred=0,0				
Durchschnitt Bäume	1480,51	1470,96	0,65%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	914,31	840,51	8,07%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,1982	0,1936	2,32%	$<2,2 e^{-16}$
pred=0,02				
Durchschnitt Bäume	1483,55	1474,89	0,58%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	792,38	724,6	8,55%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2052	0,2047	0,24%	0,1561
pred=0,04				
Durchschnitt Bäume	1490,5	1484,57	0,4%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	675,81	620,43	8,19%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2245	0,2325	3,56%	$<2,2 e^{-16}$
pred=0,06				
Durchschnitt Bäume	1498,48	1500,13	0,11%	0,0001009
Durchschnitt Mäuse	581,24	530,78	8,68%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,2512	0,2830	12,66%	$<2,2 e^{-16}$
pred=0,08				
Durchschnitt Bäume	1519,21	1525,93	0,44%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	490,33	436,77	10,92%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,3319	0,3869	16,57%	$<2,2 e^{-16}$

pred=0,10				
Durchschnitt Bäume	1565,78	1572,68	0,44%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	366,94	198,14	46,0%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,6084	0,6727	10,57%	$<2,2 e^{-16}$
pred=0,12				
Durchschnitt Bäume	1596,17	1580,87	0,96%	$<2,2 e^{-16}$
Durchschnitt Mäuse	0	0	0%	/
Durchschnitt Besiedlungsindex	0,9361	0,7495	19,93%	$<2,2 e^{-16}$

Tabelle 14: Mittelwerte der Variablen des fünften Szenarios des Original- und replizierten Modells. Weiterhin ist der Unterschied der Mittelwerte in Prozent und die Ergebnisse des Welch-Tests aufgeführt.

Der Welch-Test liefert hier für alle Variablen Werte die kleiner sind als 0,05 (Tabelle 14). Die Mittelwertsunterschiede sind somit statistisch relevant. Die Durchschnittswerte der Baumanzahl unterscheiden sich prozentual in diesem Szenario nur sehr wenig voneinander, aller Unterschiede sind kleiner als 1%. Die größten Unterschiede zeigen die Mittelwerte des Mäusedurchschnitts. Bei einem *pred*-Wert von 0,10 ist der Durchschnitt im Originalmodell fast doppelt so groß wie im replizierten Modell.

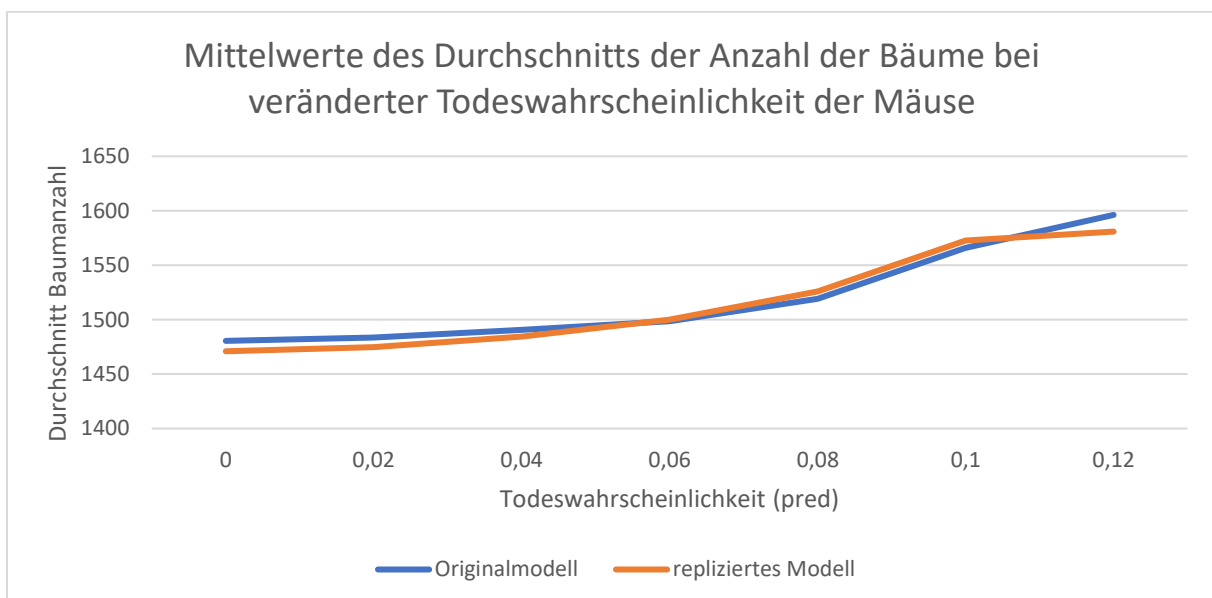


Abbildung 40: Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*).

In Abbildung 40 sind die Mittelwerte des Durchschnitts der Baumanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*) dargestellt. In beiden Modellen steigt die Anzahl der Bäume bei steigender Todeswahrscheinlichkeit bis knapp unter den Maximalwert von 1600 Bäumen. Hier liegen die Werte des Originalmodells in etwa der Hälfte der Fälle über denen des replizierten Modells.

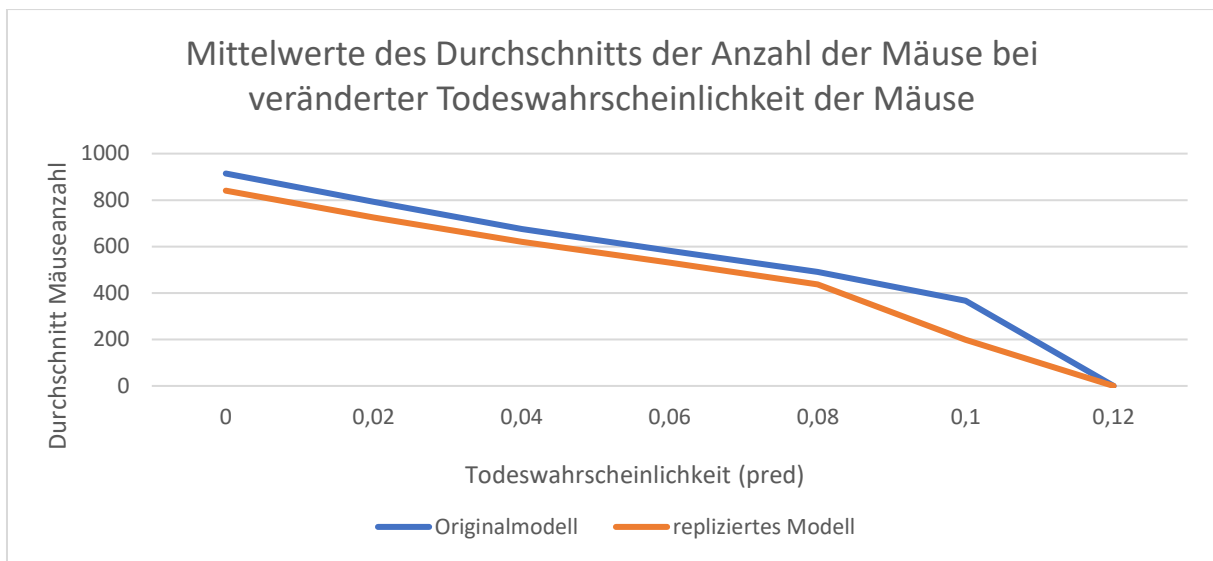


Abbildung 41: Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*).

Abbildung 41 zeigt die Mittelwerte des Durchschnitts der Mäuseanzahl bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*). In beiden Modellen ist deutlich zu erkennen, dass die Anzahl der Mäuse bei höherer Todeswahrscheinlichkeit stark sinkt, bis zu dem vollständigen Verschwinden der Mäuse bei einem *pred*-Wert von 0,12. Beide Kurven verlaufen sehr ähnlich. Hier sind alle Mittelwerte des Originalmodells bis auf den letzten höher als die des replizierten Modells.

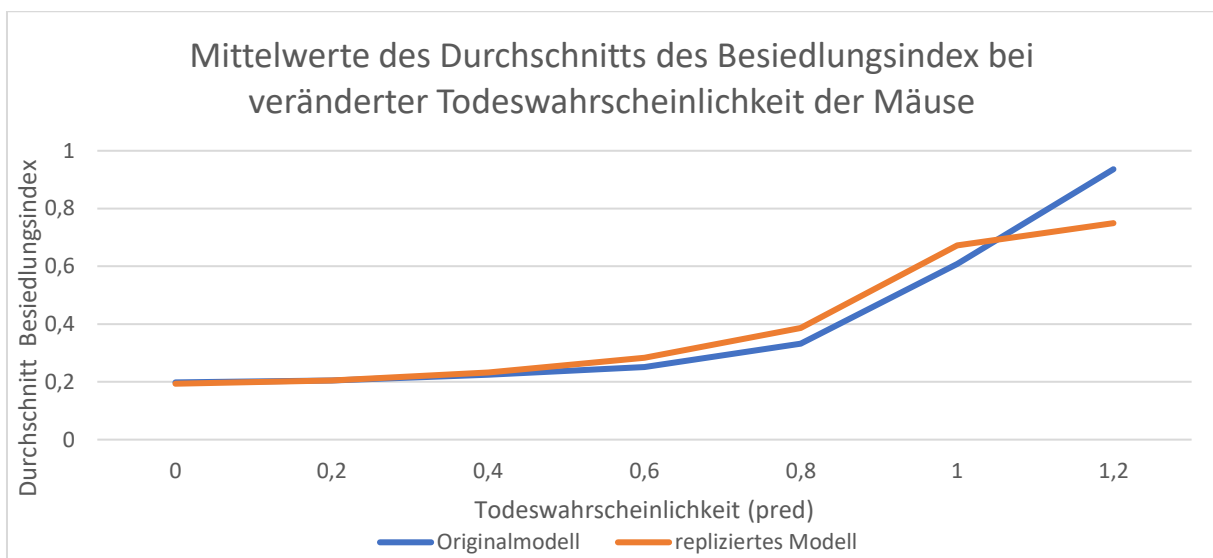


Abbildung 42: Mittelwerte des Durchschnitts des Besiedlungsindex bei veränderter Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*).

Die Mittelwerte des durchschnittlichen Besiedlungsindex sind in Abbildung 42 dargestellt. Hier sind mehr Mittelwerte des replizierten Modells höher als die des Originalmodells. Die Werte liegen

allerdings alle sehr dicht beieinander, insbesondere für niedrige Todeswahrscheinlichkeiten sind die Unterschiede sehr gering. Nur bei einer Todeswahrscheinlichkeit von 0,12 liegen die Werte relativ weit auseinander. Beide Modelle zeigen, dass der durchschnittliche Besiedlungsindex bei erhöhter Todeswahrscheinlichkeit stark ansteigt. Beide Kurven zeigen eine große Ähnlichkeit.

3.6. Zusammenfassung

Zusammenfassen lässt sich sagen, dass bis auf zwei Ausnahmen alle Mittelwertsunterschiede statistisch relevant sind. Die Nullhypothese muss daher für so gut wie alle Werte verworfen werden. Nur ein p-Wert im zweiten Szenario (Durchschnitt Besiedlungsindex bei $n_y=7$) und ein Wert im fünften Szenario (Durchschnitt Besiedlungsindex bei $pred=0,02$) sind größer als 0,05. Für diese beiden Werte kann die Nullhypothese beibehalten werden, die Unterschiede sind hier statistisch nicht relevant.

Die prozentualen Unterschiede der Mittelwerte schwanken stark. Die durchschnittliche Baumanzahl hat bei Betrachtung aller fünf Szenarien Mittelwertsunterschiede zwischen 0,11 und 45,41%. Insgesamt ist die Baumanzahl aber die Variable mit den größten Ähnlichkeiten zwischen den beiden Modellen. Die durchschnittliche Mäuseanzahl hat dagegen prozentuale Unterschiede zwischen 0 und 31,99%. Die prozentualen Unterschiede des Besiedlungsindex liegen zwischen 0,24 und 66,67%, die Unterschiede schwanken bei dieser Variablen stark.

Es ist ebenfalls auffällig, dass die Mittelwerte des Originalmodells in den meisten Fällen höher sind als die Werte des replizierten Modells.

Beide Modelle reagieren sehr ähnlich auf die Änderung von Parametern. Im ersten Szenario führt die Aktivierung von Mastjahren zu einer höheren Anzahl von Bäumen, einer geringeren Mäuseanzahl und einem weitaus höheren Besiedlungsindex. Die Erhöhung der Mastfrequenz (n_y) führt im zweiten Szenario zu einer geringeren Baumanzahl, einer höheren Mäuseanzahl und einem geringeren Besiedlungsindex. Im dritten Szenario führt die Änderung des Samenverhältnisses ($prop$) zu einer leichten Erhöhung der Baumanzahl, einer geringeren Mäuseanzahl und einer leichten Erhöhung des Besiedlungsindex. Die Erhöhung der Samenanzahl (S_{max}) wirkt sich im vierten Szenario in einer wesentlich geringeren Baumanzahl, einem wesentlich geringeren Besiedlungsindex und einer durchschnittlichen Mäuseanzahl, die erst steigt und dann wieder abfällt aus. Schließlich führt im fünften Szenario, die Erhöhung der Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse ($pred$) zu einem Anstieg der Baumanzahl, einer geringeren Mäuseanzahl und einem stark steigenden Besiedlungsindex.

4. Diskussion

4.1. Numerische Äquivalenz

Zur Bewertung der Replikation wird der Replikationsstandard (RS) verwendet. Die erste Kategorie des Replikationsstandard ist numerische Äquivalenz. Diese liegt nur vor wenn die Modelle die exakt gleichen numerischen Ergebnisse liefern (Axtell et al. 1996). Da das Modell hier stochastische Elemente besitzt ist numerische Äquivalenz nicht zu erwarten. In diesem Fall haben die Simulationen nur in wenigen Ausnahmefällen die gleichen numerischen Ergebnisse, z.B. beim minimalen Besiedlungsindex, der in allen getesteten Fällen den Wert null beträgt. Für die Ergebnisse der beiden Modelle liegt deshalb keine numerische Äquivalenz vor.

4.2. Distributive Äquivalenz

Eine andere Kategorie des Replikationsstandard ist die distributive Äquivalenz. Diese ist gegeben, wenn Modelle die gleiche Verteilung von Ergebnissen haben die sich statistisch nicht voneinander unterscheidet (Axtell et al. 1996). Die distributive Äquivalenz wurde hier mit dem Welch-Test überprüft. Dieser testet die Nullhypothese, dass es zwischen den Modellen keinen Unterschied gibt (Pace 2012, S.125). Für die überwiegende Anzahl der getesteten Werten muss diese Nullhypothese verworfen werden und dafür die Alternativhypothese angenommen werden. Dies bedeutet, es bestehen Unterschiede zwischen den gemessenen Mittelwerten, die nicht nur zufällig entstanden sind. Die Modelle sind daher distributiv verschieden.

4.3. Relationale Äquivalenz

Relationale Äquivalenz liegt vor, wenn Ergebnisse vorliegen, die qualitativ ähnliche Beziehungen zwischen Input- und Output-Variablen erkennen lassen (Wilensky und Rand 2007). Die relationale Anpassung ist hier gegeben. Beide Modelle reagieren gleich auf die Veränderung von Parametern. Zum Beispiel führt im fünften Szenario, die Erhöhung der Todeswahrscheinlichkeit der Mäuse (*pred*) zu einem Anstieg der Baumanzahl, einer geringeren Mäuseanzahl und einem stark steigenden Besiedlungsindex. Die relationale Äquivalenz lag in allen fünf getesteten Szenarien vor.

Dieses Ergebnisses ist ein Indikator dafür, dass die Kernaussagen des Modells zur Räubersättigung richtig sind und das Vorhandensein von Mastjahren tatsächlich zu einer größeren Baumanzahl führt. Die Tatsache, dass sich diese Ergebnisse wiederholen lassen stärkt die Hypothese und die Verifikation des Modells.

4.4. Mögliche Gründe für die Unterschiede zwischen den Modellen

Die Replikation des Modells resultiert in Ergebnissen, die distributiv und numerisch unterschiedlich sind. Sie sind allerdings relational äquivalent. Auch in der Literatur zeigt sich, dass eine Replikation oft

Ergebnisse liefert, die die Kategorien des Replikationsstandards nicht erfüllen (vgl. Donkin et al. 2017, Wilensky und Rand 2007).

Die Unterschiede zwischen den Mittelwerten der beiden Modelle sind statistisch relevant. Einige Mittelwerte haben aber trotzdem einen sehr geringen prozentualen Unterschied. Auch die Wertebereiche der Modelle überschneiden sich an vielen Stellen. Das zeigt, dass ein gewisser Grad an Ähnlichkeit, trotz der nicht vorhandenen distributiven Äquivalenz besteht.

Eine Möglichkeit für die vorhandenen Unterschiede zwischen den Modellen ist die Missinterpretation der Modellbeschreibung. Das Originalmodell wurde gut dokumentiert. Es hat ein ausführliches ODD Protokoll und auch der Code ist frei zugänglich. Dies ist ein Vorteil für die Replikation. Für die Replikation wurde der Sourcecode nur wenig verwendet und in erster Linie die Beschreibung des ODD Protokolls benutzt. Es ist möglich, dass bei dieser Vorgehensweise Teile der Beschreibung falsch interpretiert wurden oder diese nicht vollständig war. Insbesondere die Submodelle zur Samenverbreitung sind kompliziert und daher anfällig für mögliche Fehlinterpretationen.

Es ist sehr wahrscheinlich, dass die Unterschiede aus der unterschiedlichen Syntax der Programmiersprachen GAML und NetLogo resultieren. GAML hat keine speziell definierte Go-Prozedur. Die Agenten haben Reflexe, die sie je nachdem ob die Voraussetzungen zutreffen abhandeln (Taillandier 2014). Durch die andere Syntax unterscheidet sich die Reihenfolge in der die Agenten ihre Aktionen durchführen in beiden Modellen. Weiterhin haben die Feld-Agenten Reflexe, wie das zählen der Bäume, die im Originalmodell aufgrund der verschiedenen Syntax nicht nötig sind. Insbesondere die unterschiedliche Reihenfolge der agierenden Agenten ist ein möglicher Grund für die Unterschiede.

Auffällig ist das die Mittelwerte des Originalmodells in der Regel höher sind als die des replizierten Modells. Möglicherweise werden hier die Submodelle, die für den Tod der Agenten zuständig sind zu oft ausgeführt.

Für weitere Arbeiten wäre es interessant, das Modell auf eine andere Programmiersprache zu übertragen, die eine ähnlichere Syntax wie NetLogo besitzt, so dass die Unterschiede, die durch die andere Agentenreihenfolge entstehen ausgeschlossen werden können. Allerdings ist die Übertragung eines Modells in eine andere Programmiersprache immer eine potenzielle Ursache für Variabilität (Donkin et al. 2017). Bei diesen Replikationen ist daher immer mit einer gewissen Unterschiedlichkeit zu rechnen.

5. Schlussfolgerung

Zur Beantwortung der Frage ob sich das Originalmodell von Tamburino und Bravo replizieren lässt und ob das replizierte Modell vergleichbare Ergebnisse liefert, wurde eine Replikation durchgeführt. Es wurden weiterhin die Mittelwerte von bestimmten Variablen beider Modelle verglichen. Die Replikation führte zu Ergebnissen die distributiv und numerisch unterschiedlich, aber relational äquivalent sind.

Dies ist ein Indikator dafür, dass die Kernaussagen des Modells zur Räubersättigung zutreffend sind. Außerdem trägt die Replikation zum Verständnis des Replikationsprozesses als solchen bei. Modellreplikationen sind bisher noch nicht überall gebräuchlich. Diese Arbeit kann zur weiteren Verbreitung beitragen. Sie zeigt ebenfalls, dass eine gute Modelldokumentation unerlässlich für die weitere Verwendung von Modellen ist. Außerdem ist die Zugänglichkeit zum Sourcecode von Modellen besonders wichtig.

Literaturverzeichnis

Axtell, Robert; Axelrod, Robert; Epstein, Joshua M.; Cohen, Michael D. (1996): Aligning simulation models. A case study and results. In: *Comput Math Organiz Theor* 1 (2), S. 123–141. DOI: 10.1007/BF01299065.

Bithell, Mike; Brasington, James; Richards, Keith (2008): Discrete-element, individual-based and agent-based models. Tools for interdisciplinary enquiry in geography? In: *Geoforum* 39 (2), S. 625–642. DOI: 10.1016/j.geoforum.2006.10.014.

Crooks, Andrew; Castle, Christian; Batty, Michael (2008): Key challenges in agent-based modelling for geo-spatial simulation. In: *Computers, Environment and Urban Systems* 32 (6), S. 417–430. DOI: 10.1016/j.compenvurbsys.2008.09.004.

Donkin, Elizabeth; Dennis, Peter; Ustalakov, Andrey; Warren, John; Clare, Amanda (2017): Replicating complex agent based models, a formidable task. In: *Environmental Modelling & Software* 92, S. 142–151. DOI: 10.1016/j.envsoft.2017.01.020.

Dragičević, Suzana (2008): GeoComputation. Modeling with spatial agents. In: *Computers, Environment and Urban Systems* 32 (6), S. 415–416. DOI: 10.1016/j.compenvurbsys.2008.10.002.

Fischetti, Tony (2015): Data analysis with R. Load, wrangle, and analyze your data using the world's most powerful statistical programming language. Birmingham, UK: Packt Publishing (Community experience distilled). Online verfügbar unter <http://proquest.tech.safaribooksonline.de/9781785288142>.

Grignard, Arnaud; Taillandier, Patrick; Gaudou, Benoit; Vo, Duc An; Huynh, Nghi Quang; Drogoul, Alexis (2013): GAMA 1.6: Advancing the Art of Complex Agent-Based Modeling and Simulation. In: Guido Boella, Edith Elkind und Bastin Tony Roy Savarimuthu (Hg.): PRIMA 2013. Principles and Practice of Multi-Agent Systems : 16th International Conference, Dunedin, New Zealand, December 1-6, 2013. Proceedings, Bd. 8291. Berlin/Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg (Lecture Notes in Computer Science / Lecture Notes in Artificial Intelligence, v.8291), S. 117–131.

Grimm, Volker; Berger, Uta; DeAngelis, Donald L.; Polhill, J. Gary; Giske, Jarl; Railsback, Steven F. (2010): The ODD protocol. A review and first update. In: *Ecological Modelling* 221 (23), S. 2760–2768. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2010.08.019.

Grimm, Volker; Railsback, Steven F. (2005): Individual-based modeling and ecology. Princeton NJ u.a.: Princeton Univ. Press (Princeton series in theoretical and computational biology).

Leonhart, Rainer (2017): Lehrbuch Statistik. Einstieg und Vertiefung. Unter Mitarbeit von Angela C. Hoelzenbein, Stephanie Lichtenberg, Katrin Schornstein und Jana Groß. 4., überarbeitete und

erweiterte Auflage. Bern: Hogrefe Verlag. Online verfügbar unter http://ebooks.ciando.com/book/index.cfm?bok_id/2368511.

Meyer, Susan E.; Pendleton, Burton K. (2015): Seedling establishment in a masting desert shrub parallels the pattern for forest trees. In: *Acta Oecologica* 65-66, S. 1–10. DOI: 10.1016/j.actao.2015.03.001.

O'Sullivan, David; Perry, George L. W. (2013): Spatial Simulation. Exploring Pattern and Process. 1. Aufl. s.l.: Wiley-Blackwell. Online verfügbar unter <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&scope=site&db=nlebk&db=nlabk&AN=632427>.

Pace, Larry (2012): Beginning R. An Introduction to Statistical Programming. Berkeley, CA: Apress (Expert's voice in programming). Online verfügbar unter <http://dx.doi.org/10.1007/978-1-4302-4555-1>.

Taillandier, Patrick (2014): GAMAGraM: Graphical modeling with the GAMA platform. The 4th International Conference on Complex Systems and Applications, Jun 2014, France. 6p. hal-01055569.

Taillandier, Patrick; Gaudou, Benoit; Grignard, Arnaud; Huynh, Quang-Nghi; Marilleau, Nicolas; Caillou, Philippe et al. (2019): Building, composing and experimenting complex spatial models with the GAMA platform. In: *Geoinformatica* 23 (2), S. 299–322. DOI: 10.1007/s10707-018-00339-6.

Taillandier, Patrick; Vo, Duc-An; Amouroux, Edouard; Drogoul, Alexis (2012): GAMA: A Simulation Platform That Integrates Geographical Information Data, Agent-Based Modeling and Multi-scale Control. In: *Desai, N., Liu, A., Winikoff, M. (eds) PRIMA 2010. LNCS (7057)*, S. 242–258.

Tamburino, Lucia; Bravo, Giangiacomo (2013): Mice in Wonderforest. Understanding mast seeding through individual-based modelling. In: *Ecological Modelling* 250, S. 34–44. DOI: 10.1016/j.ecolmodel.2012.10.010.

Thiele, Jan C.; Grimm, Volker (2015): Replicating and breaking models. Good for you and good for ecology. In: *Oikos* 124 (6), S. 691–696. DOI: 10.1111/oik.02170.

Tisue, Seth; Wilensky, Uri: NetLogo: A Simple Environment for Modeling Complexity. In: *International Conference on Complex Systems*, S. 1–10.

Verma, J. P.; Abdel-Salam, Abdel-Salam G. (2019): Testing statistical assumptions in research. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc.

Verzani, John; Loukides, Michael Kosta; Romano, Robert (Hg.) (2011): Getting started with RStudio. First edition. Sebastopol, CA: O'Reilly. Online verfügbar unter <http://site.ebrary.com/lib/alltitles/docDetail.action?docID=10758898>.

Weiß, Christel (2013): Basiswissen Medizinische Statistik. 6., überarb. Aufl. Berlin: Springer (Springer-Lehrbuch). Online verfügbar unter <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-34261-5>.

Wilensky, Uri; Rand, William (2007): Making Models Match: Replicating an Agent-Based Model. In: *Journal of Artificial Societies and Social Simulation* 10 (4 2).

Wilensky, Uri; Rand, William (2015): An Introduction to Agent-Based Modeling. Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo. Cambridge: The MIT Press. Online verfügbar unter <http://gbv.ebib.com/patron/FullRecord.aspx?p=3339969>.

Wolff, Jerry O. (1996): Population Fluctuations of Mast-Eating Rodents Are Correlated with Production of Acorns. In: *Journal of Mammalogy* 77 (3), S. 850–856.

Anhang

A. Link zum Download des replizierten Modells

<https://sarah.rieche.biz/?p=139>

B. GAML-Sourcecode des replizierten Modells

```
/**
 * Name: Masting Model
 * Author: Sarah Rieche
 * Description: Model to simulate the effects of masting
 */
model mast

global {
  //general attributes
  geometry shape <-square(40);
  float step<- 1 #month;
  bool mast <-false;
  int nb_mice <-500; //Initial Number of Mice
  int nb_trees<- 1600; //Initial Number of Trees
  int counter <-1600;
  int current_month update: cycle mod 12; // The current month (0-12)
  int mast_cycle update: cycle mod mast_frequency;
  int mast_frequency <-60;
  int max_seed <- 20;
  int metab_req <- 8;
  int max_movement <-10;
  int max_offspring <-9;
  int repr_cost <- (12*(max_seed - metab_req))/max_offspring;
  float predation <- 0.0;
  float tree_death_prob <- 0.035 with_precision 3;
  float seed_probability <-0.9;

  //attributes used for spreading seeds
  int seeds_year <-650;
  float standard_dev_seeds <- seeds_year/4;
  int proportion <-40;
  int seeds_year1 <-((mast_frequency/12)*seeds_year)/(((mast_frequency/12)-1 + proportion));
  float standard_dev_seeds1 <- seeds_year1/4;
  int seeds_year_mast <- seeds_year1*proportion;
  float standard_dev_mast <- seeds_year_mast/4;
  int seeds_new <- gauss(seeds_year, standard dev seeds);
  list<agent> tree_in <- trees inside(self);

  //attributes used for monitoring values
  int number_mice -> {length (mice)};
  int number_trees -> {length (trees)};
  int number_patches <-0 ; //number of empty patches
  float col_index <-0.0 with_precision 3; //colonization index CI
  int germinated <- 0; // number of trees that germinate in a year
  int max_mice <-0;
  int max_trees <- 0;
  int min_mice <-0;
  int min_trees <- 0;
  int average_mice <- 0;
  int average_trees <-0;
  int mouse_counter <-0;
  int tree_counter <-0;
  float min_col_index <-0.0 with_precision 3;
  float max_col_index <- 0.0 with_precision 3;
  float average_col_index <- 0.0 with_precision 3;
  float col_counter1 <-0.0; // sums up the colonization index for computing the average
  int col_counter2 <-1; // counts the number of times the colonization index is computed

  init{
```

```

        create mice number: nb_mice;
        // mice are created

        ask patches {
            //a tree is created on every patch, if the initial number of trees is smaller
            //than the number of patches redundant trees die
            create trees number: 1 {location <- myself.location ;}
        }

        loop while: counter > nb_trees {
            ask one_of(trees){
                do die;
            }
            counter <- counter -1;
        }

        ask patches {
            //patches set the variable tree to true if they are occupied by a tree
            do up_tree_in;
            do set_tree;
        }

        ask trees{
            // trees spread seeds
            if age>=25 and mast=false{
                do my_seeds;
            }
            if age >=25 and mast=true{
                do my_seeds2;
            }
        }
    }

    reflex stop_simulation when: cycle=2001 {
        do pause ;
    }

    reflex set_count when: cycle = 1000{
        min_mice <- number_mice;
        max_mice <- number_mice;
        max_trees <- number_trees;
        min_trees <- number_trees;
        mouse_counter <-number_mice;
        tree_counter <-number_trees;
    }

    reflex count_mice when: cycle > 1000{
        // sets minimum and maximum number of mice
        if number_mice > max_mice {
            max_mice <- number_mice;
        }
        if number_mice < min_mice {
            min_mice <- number_mice;
        }
    }

    reflex set_average when: cycle >1000{
        // sets average number of trees and mice
        average_mice <- mouse_counter/(cycle-1000);
        mouse_counter <- mouse_counter + number_mice;
        average_trees <- tree_counter/(cycle-1000);
        tree_counter <- tree_counter + number_trees;
    }

    reflex count_trees when: cycle > 1000{
        //sets minimum and maximum number of trees
        if number_trees > max_trees {
            max_trees <- number_trees;
        }
        if number_trees < min_trees {
            min_trees <- number_trees;
        }
    }

    reflex set_germinated when: current_month=5{
        //number of germinated trees and empty
        //patches is set to 0 each year before the new numbers can be computed
        germinated <-0;
        number_patches <-0;
    }

    reflex set_col_index when: cycle=1000{
        //sets the colonization index at cycle 1000
        if number_patches = 0{
            col_index <-1.0;
        } else {
            col_index <- germinated/number_patches;
        }
        min_col_index <- col_index;
        max_col_index <- col_index;
    }

```

```

        col_counter1 <- col_index;
    }

    reflex update_col_index when: cycle>1000 and current_month=7{ //updates the colonization index once a year after
new trees have grown up
        if number_patches = 0{
            col_index <-1.0;
        } else {
            col_index <- germinated/number_patches;
        }
        if col_index > max_col_index {
            max_col_index <- col_index;
        }
        if col_index < min_col_index {
            min_col_index <- col_index;
        }
        average_col_index <-col_counter1/col_counter2;
        col_counter1 <- col_counter1 + col_index;
        col_counter2 <- col_counter2 +1;
    }

    reflex save_data when: cycle=2000 {
        //int cpt <- 0;
        save [average_mice, min_mice, max_mice, average_trees, min_trees, max_trees, average_col_index,
min_col_index, max_col_index] to: "C:/Users/sarah/Documents/GAMA_Daten/results/standard.csv" type:"csv" rewrite:
false header:false;
    }
}

grid patches cell_width:1 cell_height:1 neighbors:8{
    bool tree <- true; //true if a tree is located on the patch
    int seeds <- 0; //number of seeds on the patch
    list<patches> neighbors <- self neighbors_at 1; // list of neighbors
    list<trees> tree_in update: trees inside(self); //list of trees on the patch, needed for
updating the tree variable

    action up_tree_in { //updates the tree_in list
        tree_in <- trees inside(self);
    }

    action set_tree { //updates the tree variable; if a tree is on
the patch the variable is set to true, otherwise it is set to false
        if !empty(tree_in){
            tree <- true;
        }
        else {
            tree <- false;
        }
    }

    reflex tree_set {
        do set_tree;
    }

    reflex new_trees when: current_month =6 { //new
trees grow up
        loop while: tree = false and seeds>0{
            if flip(seed_probability){
                create trees number: 1 {
                    location <- myself.location ;
                    age <-0;
                }
                tree <- true;
                germinated <-germinated +1;
            }
            seeds <- seeds -1;
        }
    }

    reflex empty_patches when: current_month= 6{ //counts number of empty
patches
        if empty(tree_in){
            number_patches <- number_patches +1;
        }
    }
}

species mice schedules: shuffle(mice) {
    int energy <- 0;
    int mouse_age <- 0 update: mouse_age + 1;
}

```



```

patches myPatch <- one_of (patches);

init{
  location <- myPatch.location;
}

patches choose_patch {
return (myPatch.neighbors) with_max_of (each.seeds);
}

action move{
  myPatch <- choose_patch();
  location <-myPatch.location;
}

action set_energy{
//metabolique requirement is subtracted from the energy, if energy is 0 or smaller the mouse dies
  energy <- energy-metab_req;
  if energy <=0{
    do die;
  }
}

reflex die when: mouse_age > 36 or flip(predation){ //mice die
  do die;
}

sources
reflex get_energy when: current_month <1 or current_month > 6{ //mice get energy from other
  energy <- energy + rnd(max_seed);
  do set_energy;
}

reflex moving when: current_month >0 and current_month <7{ //mice move and eat seeds
  int movement <-0;
  int seeds_eaten <- 0;
  patches p <-myPatch.neighbors with_max_of (each.seeds);
  loop while: movement<max_movement and seeds_eaten < max_seed{
    if myPatch.seeds< p.seeds{
      do move;
    }
    movement <-movement +1;
    if myPatch.seeds>0{
      int eat_here <- min([(max_seed-seeds_eaten), myPatch.seeds]);
      myPatch.seeds <- myPatch.seeds - eat_here;
      seeds_eaten <- seeds_eaten + eat_here;
    }
  }
  energy <- energy + seeds_eaten;
  do set_energy;
}

reflex reproduction when: current_month =1 or current_month=8 { //mice reproduce,
offspring is located on the same patch, mice loose energy through reproduction
  int nb_offsprings <- rnd(energy/repr_cost);
  create species(self) number: nb_offsprings {
    myPatch <- myself.myPatch ;
    location <- myPatch.location ;
    energy <- 0 ;
    mouse_age <-0;
  }
  energy <- energy-(nb_offsprings*repr_cost);
}

aspect circle {
  draw circle(0.2) color:#blue;
}
}

species trees schedules: shuffle(trees) {
  int age <-rnd(300);
  patches myPatch <- one_of(patches);

  init{
    location <- myPatch.location;
  }

  reflex tree_death when: current_month = 6 { //trees
    die
    if flip(tree_death_prob){
      do die;
    }
    ask myPatch{

```

```

        tree <-false;
    }
}

reflex set_seeds when: current_month =7 { //seeds
    ask patches{
        seeds <-0;
    }
}

reflex tree_age when: current_month=0 {
//trees age
    age <- age +1;
}

reflex set_new_seeds when: current_month =0 and age >= 25{ //new seeds are created
    if mast = false{
        do my_seeds;
    }
    if mast=true {
        do my_seeds2;
    }
}

action my_seeds {
//this action is used to calculate the number of seeds if masting is turned off
    int seeds_nb <- gauss(seeds_year,standard dev seeds);
    ask myPatch.neighbors{
        seeds <- seeds + (seeds_nb/8);
    }
}

action my_seeds2 {
//this action is used to calculate the number of seeds if masting is turned on
    int seeds_nb1 <- gauss(seeds_year1,standard dev seeds1);
    int seeds_nb_mast <- gauss(seeds_year mast, standard dev mast);
    if mast_cycle = 0{
        ask myPatch.neighbors{
            seeds <- seeds + (seeds_nb_mast/8);
        }
    } else {
        ask myPatch.neighbors{
            seeds <- seeds + (seeds_nb1/8);
        }
    }
}

aspect square{
//trees are represented as green squares
    draw square(1#m) color:#green;
}
}

experiment main_experiment type: gui {
    parameter "Initial Number of Mice" var:nb_mice min:0 max:1000 step:100 category:Mice;
    parameter "Initial Number of Trees" var:nb_trees min:0 max:1600 step: 50 category: Trees;
    parameter "Maximum Number of Seeds eatable" var: max_seed min:10 max:60 category:Mice;
    parameter "Death Probability" var: predation min:0.0 max:1.0 step:0.005 category:Mice;
    parameter "Metabolic Requirements" var: metab_req min:5 max:20 category:Mice;
    parameter "Maximum Movement" var: max_movement min:1 max:20 category:Mice;
    parameter "Maximum Offspring" var: max_offspring min:6 max:10 category:Mice;
    parameter "Tree Death Probability" var: tree_death_prob min: 0.00 max: 0.1 step:0.005 category: Trees;
    parameter "Probability of a seed to produce a tree" var: seed_probability min:0.0 max:1.0 category: Trees;
    parameter "Seeds produced (No Mast)" var: seeds_year min: 100 max: 2200 step: 50 category:Trees;
    parameter "Masting" var:mast category: Masting;
    parameter "Mast Frequence" var: mast_frequence min: 24 max: 168 step:12 category: Masting;
    parameter "Mast Seeding Proportion" var:proportion min:0 max:100 step:5 category: Masting;

    output {
        display map type: opengl{
            grid patches lines:#black;
            species trees aspect:square;
            species mice aspect:circle;
        }
        display Population_information refresh:every(1#cycLes) {
            chart "Number of Agents" type: series size: {1,0.5} position: {0, 0} {
                data "number_of_mice" value: number_mice color: #blue ;
                data "number_of_trees" value: number_trees color: #red ;
            }
        }
        monitor "Current Month" value:current_month;
    }
}

```

```

monitor "Number of Mice" value: number_mice;
monitor "Number of Trees" value: number_trees;
monitor "Minimum Mice" value: min_mice;
monitor "Maximum Mice" value: max_mice;
monitor "Average Mice" value: average_mice;
monitor "Minimum Trees" value: min_trees;
monitor "Maximum Trees" value: max_trees;
monitor "Average Trees" value: average_trees;
monitor "Colonization Index" value: col_index with_precision 3;
monitor "Maximum Colonization Index" value: max_col_index with_precision 3;
monitor "Minimum Colonization Index" value: min_col_index with_precision 3;
monitor "Average Colonization Index" value: average_col_index with_precision 3;
}
}
experiment "No mast" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: (cycle=2001) {
}

experiment "Mast Standard" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: cycle =2001{
parameter "Masting" var: mast init: true;
}

experiment "Mast Frequency" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: cycle =2001{
parameter "Mast Frequency" var: mast_frequency min: 24 max: 96 step: 12;
parameter "Masting" var: mast init: true;
}

experiment "Proportion" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: cycle=2001 {
parameter "proportion" var: proportion min: 10 max: 70 step: 10;
parameter "Masting" var: mast init: true;
}

experiment "Max_seed" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: cycle=2001 {
parameter "max_seed" var: max_seed min: 20 max: 60 step: 10;
parameter "Masting" var: mast init: true;
}

experiment "Predation" type: batch repeat: 100 keep_seed: false until: cycle=2001 {
parameter "predation" var: predation min: 0.0 max: 0.12 step: 0.02;
parameter "Masting" var: mast init: true;
}
}

```