

Radosław Wieczorek  
Instytut Matematyczny PAN  
Katowice

## Mikroskopowy i makroskopowy model fitoplanktonu

Fitoplankton jako główny producent materii organicznej w morzach i oceanach stanowi pierwsze ogniwo większości łańcuchów pokarmowych w wodzie, a także najważniejsze źródło tlenu. Komórki wielu gatunków fitoplanktonu mają zdolność do sklejania się i tworzenia wielokomórkowych skupisk — agregatów. Wiele wskazuje na to, że własność ta odgrywa istotną rolę dla przestrzennego rozkładu planktonu. Przynajmniej w części ma ona olbrzymie znaczenie dla małych organizmów żywiących się planktonem: przeżycie takiego organizmu zależy może od tego, czy znajdzie się w pobliżu agregatu fitoplanktonu. Zasadniczo fitoplankton nie posiada zdolności ruchu, jedynie biernie unosi się w wodzie przemieszczany przez dyfuzję i prądy wodne.

Kluczową rolę w zrozumieniu dynamiki planktonu odgrywa, poza bezpośrednim badaniem biologów i ekologów, modelowanie matematyczne i numeryczne. Dlatego też temat ten cieszy się zainteresowaniem badaczy wielu dziedzin; powstało również sporo modeli wykorzystujących wielorakie metody i skupiających się na różnych aspektach. W szczególności wspomnieć należy o modelach adwekcji-reakcji-dyfuzji opisujących przestrzenny rozkład koncentracji komórek (zob. [2]). Inne podejście polega na stochastycznym modelowaniu indywidualnego zachowania komórek (por. [1]) i ich interakcji. Niektóre modele z kolei skupiają się przede wszystkim na koagulacji. Szersze opracowanie na temat różnorodnych modeli planktonu można znaleźć w [5].

My rozważamy zasadniczo dwa modele (przedstawione dokładniej w pracy [4]): pierwszy mikroskopowy, stochastyczny, traktujący populację z punktu widzenia indywidualów, którymi w tym modelu są agregaty komórek. Agregaty opisane są przez ich masę i położenie w wodzie. Podlegają one dyfuzji, a także rosną poprzez podziały komórek. Model uwzględnia również fragmentację — rozpad agregatu na dwa lub kilka mniejszych, oraz koagulację czyli sklejanie agregatów, które znajdują się blisko siebie. Drugi model otrzymujemy poprzez przeskalowanie pierwszego i przejście do granicy nieskończonej wielu komórek (co jest uzasadnione, gdyż liczba komórek planktonu w litrze dochodzi podczas zakwitów do wielu milionów). Wynikiem jest makroskopowy model fragmentacyjno-koagulacyjny, w którym masowo-przestrzenny rozkład populacji agregatów opisany jest różniczkowo-całkowym równaniem ewolucyjnym. Matematyczne szczegóły dotyczące modeli i przejść granicznych znajdują się w [6] oraz [3].

### Bibliografia

- [1] R. Adler, *Superprocesses and plankton dynamics*, in: Monte Carlo Simulation in Oceanography, Proc. of the 'Aha Huliko'a Hawaiian Winter Workshop, University of Hawai at Manoa, 1997, 121–128.
- [2] Peter J. S. Franks, *NPZ Models of Plankton Dynamics: Their Construction, Coupling to Physics, and Application*, Journal of Oceanography 58 (2002), 379–387.
- [3] R. Rudnicki, R. Wieczorek, *Fragmentation-coagulation models of phytoplankton*, Bull. Polish Acad. Sci. 54 (2006), 175–191.
- [4] ———, *Phytoplankton dynamics: from the behaviour of cells to a transport equation*, Math. Mod. Nat. Phenomena 1 (2006), 83–100.
- [5] ———, *Mathematical models of phytoplankton dynamics*, in: Aquaculture I (R. Russo, ed.), Dynamic Biochemistry, Process Biotechnology and Molecular Biology 2, 2008, pp. 55–63.
- [6] R. Wieczorek, *Procesy fragmentacji, koagulacji i dyfuzji jako granice indywidualnych modeli agregacyjnych*, Rozprawa doktorska, Instytut Matematyczny PAN, Warszawa, 2007.