

Erstellung eines mikroskopischen Analogons zu einem makroskopischen Fishing Model

Dennis Leser^{1*}, Martin Bicher¹, Niki Popper²

¹Institute for Analysis and Scientific Computing, TU Wien, Wiedner Hauptstraße 8-10, 1040 Vienna, Austria; *dennis.leser@gmx.at

²dwh Simulation Services, Neustiftgasse 57-59, 1070 Vienna, Austria

Abstract. Diese Arbeit befasst sich mit der modelltheoretischen Fragestellung: Wie kann man bestehende, alt bewährte makroskopische Modelle in eine mikroskopische Beschreibungssprache "übersetzen", ohne deren Validität zu verlieren? Dazu wollen wir zu einem bestehenden makroskopischen Modell ein mikroskopisches Analogon erzeugen. Zum einen kann man sich hiermit die Vorteile der mikroskopischen Darstellung zunutze machen. Zum anderen hat man auf diese Art ein Paar von zwei validen Modellen, welches man beliebig vergleichen und für die Validierung nutzen kann.

Einleitung

Gerade in den letzten Jahren hat in der Modellbildung und Simulation der Einsatz von mikroskopischen Modellen stark zugenommen. Die Gründe dafür liegen einerseits in der rasanten Weiterentwicklung von Prozessorleistung und Arbeitsspeicher von Computern. Während die computerunterstützte Simulation solcher Modelle vor wenigen Jahrzehnten noch eine große informatische Herausforderung war, ist es heutzutage möglich agentenbasierte Modelle mit mehreren Millionen Agenten in Minutenschnelle zu simulieren [1]. Zum anderen bieten mikroskopische Modellansätze, im direkten Vergleich mit klassischen makroskopischen Modellansätzen große Vorteile, was Flexibilität und ihre Fähigkeit komplexes Verhalten abzubilden anbelangt [2]. Diese Entwicklung wirft auch Modelltheoretisch neue Fragestellungen auf, wovon wir eine in dieser Arbeit näher betrachten werden: Wie kann man bestehende, alt bewährte makroskopische Modelle in eine mikroskopische Beschreibungssprache "übersetzen", ohne deren Validität zu verlieren?

In dieser Arbeit wollen wir zu einem bestehenden makroskopischen Modell ein mikroskopisches Analogon erzeugen, um somit ein Paar von zwei validen Mo-

dellen zu erhalten, welches man beliebig vergleichen und für die Validierung nutzen kann (vgl. Bernhard Zeigler - "Why should we develop Simulation Models in Pairs?"[3]). Einerseits ist dieser Prozess invers zu den auf die klassische Molekularfeld Theorie (Mean-Field Theory) basierenden Ansätzen [4, 5], welche stets ein mikroskopisches durch ein makroskopisches Modell zu beschreiben versuchen. Andererseits wählen wir den Zugang auch deutlich weniger Abstrakt als in [6] vorgeschlagen und lassen uns sehr wohl vom Realsystem inspirieren, um auf jeden Fall ein sinnvolles mikroskopisches Modell zu erhalten.

1 Das untersuchte System

Da der Fokus der Arbeit auf dem Erarbeiten einer neuen mikroskopischen Modellbeschreibung liegt, wollen wir uns bei der Systembeschreibung und der makroskopischen Modellierung auf Vorarbeiten stützen. Auch ein Validierungsprozess mit einem tatsächlichen Referenzsystem wird nicht durchgeführt und das Modell mit einer beispielhaften Parametrisierung simuliert. Wir folgen hierfür [7] und untersuchen eine homogene, beschränkte Fischerzone in der nur eine Fischart lebt

| Parameter | Bedeutung |
|-----------|---|
| α | jährliche Fangrate pro Fischerboot |
| β | Lebensdauer eines Fischerbootes |
| η | durchschn. Instandhaltungskosten eines Fischerbootes pro Jahr |
| κ | max. Kapazität der Fischerzone |
| p_b | Preis eines neuen Fischerbootes |
| p_f | Verkaufspreis eines Fisches |

Tabelle 1: Zur Modellierung herangezogene Systemparameter.

und Fischer ihrer Arbeit nachgehen. Die für den Modellierungsprozess herangezogenen Systemparameter sind der Tabelle 1 zu entnehmen.

2 Das makroskopische Modell

Die zugehörigen Modellgleichungen lauten wie folgt

$$\underbrace{\dot{X}(t) = X(t) \left(1 - \frac{X(t)}{\kappa} \right) - \frac{X(t)Y(t)\alpha}{100}}_{=: (1a)}, \quad (1)$$

$$\dot{Y}(t) = \frac{p_f X(t)Y(t)\alpha - 100Y(t)\eta}{100p_b} - \frac{Y(t)}{\beta}, \quad (2)$$

wobei $X(t)$ die Anzahl der Fische und $Y(t)$ die Anzahl der Fischerboote zum Zeitpunkt t repräsentieren. Die Gleichung (1a) beschreibt das makroskopische Modell, wenn nicht gefischt wird und wird im Folgenden als makroskopisches Fish Model bezeichnet. Die Gleichungen (1) und (2) beschreiben die Dynamik des makroskopischen Fishing Models. Die Abbildungen 1 und 2 zeigen das Verhalten der makroskopischen Modelle über einer Zeitspanne T , für unterschiedlichen Modellparameter und numerisch gelöst mit MATLAB's ode45 Methode.

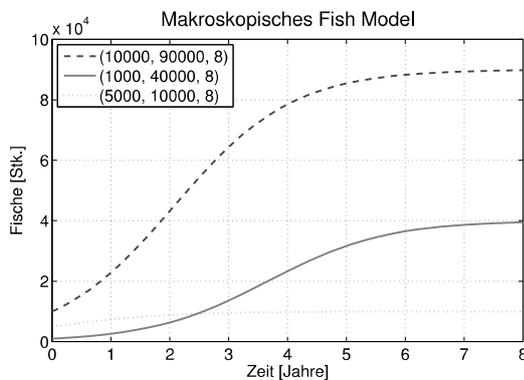


Abbildung 1: Makroskopisches Fish Model mit drei verschiedenen Parametersätzen (x_0, κ, T) .

3 Das mikroskopische Modell

3.1 Simulation des mikroskopischen Fish Models

Im mikroskopischen Fish Model wird jeder Fisch durch einen Fischagenten repräsentiert. Als Umgebung wählen wir ein quadratisches, zweidimensio-

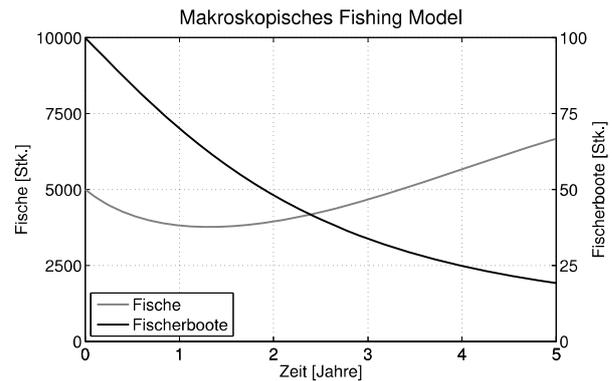


Abbildung 2: Makroskopisches Fishing Model mit den Parametern: $x_0 = 5000$, $y_0 = 100$, $\kappa = 10000$, $\alpha = 1$, $\beta = 15$, $\eta = 50000$, $p_f = 500$, $p_b = 100000$, $T = 5$;

nales Gitter mit festen Grenzen und einer Moore-Nachbarschaft, welches die untersuchte homogene, beschränkte Fischerzone, in der nur eine Fischart lebt, darstellt. Pro Gitterzelle kann sich höchstens ein Fischagent aufhalten. Da beim mikroskopischen Modell jeder Fisch einzeln betrachtet wird, führen wir einen Modellparameter $\mu \in \mathbb{R}^+$ ein, von dem das Wachstum des Fischbestandes abhängt. Die Fischagenten besitzen jeweils nur einen Zustand $z \in (0, 1]$, welcher eine uniform verteilte Zufallszahl ist und quasi seine Bereitschaft zur Vermehrung repräsentiert. Des Weiteren befolgen sie eine einfache Regel: Falls sich in der Moore-Nachbarschaft eines Fischagenten mindestens ein freier Platz befindet und der zugehörige Zustand $z < r_{and}\mu$ ist, nimmt ein neuer Fischagent einen dieser freien Plätze ein und wird mit einer neuen uniform verteilten Zufallszahl $z_{neu} \in (0, 1]$ initialisiert, wobei r_{and} ebenfalls eine uniform verteilte Zufallszahl aus $[0, 1]$ ist. Für die Simulation implementieren wir dieses agentenbasierte mikroskopische Fish Model in MATLAB und kalibrieren den Modellparameter μ wie folgt.

3.2 Kalibrierung des Modellparameters μ

Um den Modellparameter μ als Parameterfunktion von x_0 und κ zu kalibrieren, suchen wir eine einfache Abbildungsvorschrift $g : \mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$, die für beliebige Parameter x_0 und κ den kalibrierten Modellparameter μ liefert. Dazu berechnen wir zunächst für ein festes Tupel (x_0, κ) und $\mu = 0.1, 0.2, \dots, 10$ das zugehörige arithmetische Mittel $\bar{\delta}_f$ der relativen Fehler δ_k^f , mit $k = 1, 2, \dots, T$, bzgl. des

Fischbestandes zwischen den Fish Models, wobei

$$\bar{\delta}_f = \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \delta_k^f = \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \frac{|X_{makro}(t_k) - X_{mikro}(t_k)|}{X_{makro}(t_k)}. \quad (3)$$

Hierbei bezeichnen $X_{makro}(t_k)$ bzw. $X_{mikro}(t_k)$ die Anzahl der Fische des makroskopischen bzw. des mikroskopischen Modells zum Zeitpunkt $t_k = k$, mit $k = 1, 2, \dots, T$. Der kalibrierte Modellparameter μ für dieses feste Tupel (x_0, κ) ist somit jener Wert, bei dem $\bar{\delta}_f$ sein Minimum annimmt. In dem wir diese Vorgehensweise für verschiedene Tupel (x_0, κ) wiederholen, erhalten wir das Verhalten des kalibrierten Modellparameters μ in Abhängigkeit der Parameter x_0 und κ und approximieren dieses durch die einfache Abbildungsvorschrift

$$g : (x_0, \kappa) \mapsto \exp\left(-\frac{x_0}{\kappa}\right) \frac{\kappa}{2x_0}. \quad (4)$$

3.3 Simulation des mikroskopischen Fishing Models

Das mikroskopische Fishing Model wird durch ein Multi-Agent Model realisiert, indem jeder Fisch durch einen Fischagenten und jedes Fischerboot durch einen Fischerbootagenten repräsentiert wird. Wie beim mikroskopischen Fish Model wählen wir als Umgebung ein quadratisches, zweidimensionales Gitter mit festen Grenzen und pro Gitterzelle kann sich wieder höchstens ein Agent aufhalten. Als Nachbarschaft für sämtliche Agenten wird eine erweiterte Moore-Nachbarschaft mit einer bestimmten Reichweite gewählt, da ein Fischerbootagent mit einer einfachen Moore-Nachbarschaft pro Zeitschritt (Jahr) maximal 8 Fischagenten fangen könnte. Dies würde bei weitem nicht ausreichen, um die Instandhaltungskosten η eines Fischerbootes pro Zeitschritt (Jahr) zu decken. Da beim mikroskopischen Modell jeder Fisch und jedes Fischerboot einzeln betrachtet wird, müssen wir die Modellparameter $\mu \in [0, 1]$, $\theta \in [0, 1]$ und $\varepsilon \in \mathbb{N}$ einführen. Wobei μ das Wachstum des Fischbestandes, θ wie viele Fische ein Fischerboot pro Zeitschritt (Jahr) fängt und ε die Reichweite der erweiterten Moore-Nachbarschaft bestimmt. Die Fischagenten besitzen analog zum mikroskopischen Fish Model jeweils nur einen Zustand $z \in (0, 1]$. Sie befolgen eine einfache Regel: Falls sich in der erweiterten Moore-Nachbarschaft eines Fischagenten $k \in \mathbb{N}$ freie Plätze befinden und der zugehörige Zustand $z > r_{and}$ ist, dann werden $n \in \mathbb{N}$ neue Fisch-

agenten in dieser erweiterten Moore-Nachbarschaft erstellt, wobei $n = \lceil \mu k \rceil$. Die Fischerbootagenten besitzen den Zustand $u \in \mathbb{R}^+$, der angibt, wie alt das Fischerboot ist, und den Zustand $w \in \mathbb{R}^+$, der für das aktuelle Kapital eines Fischerbootes steht. Diese Zustände werden jedem Fischerbootagenten bei seiner Initialisierung durch $u = r_{and}(\beta - 1)$ und $w = r_{and}\eta$ zugewiesen. Des Weiteren halten sie sich an folgende Regeln:

- Falls sich $k \in \mathbb{N}$ Fischagenten in der erweiterten Moore-Nachbarschaft eines Fischerbootagenten befinden, fängt dieser $m \in \mathbb{N}$ Fischagenten, wobei $m = \lceil \theta k \rceil$.
- Falls für einen Fischerbootagenten $w < \eta$ gilt, wird dieser Fischerbootagent entfernt. Ansonsten werden die Instandhaltungskosten η von dem Kapital w dieses Fischerbootagenten abgezogen.
- Falls für einen Fischerbootagenten $w \geq p_b$ gilt, wird ein neuer Fischerbootagent in einer zufälligen freien Gitterzelle erstellt und der Preis eines neuen Fischerbootes p_b von dem Kapital w abgezogen.
- Falls für einen Fischerbootagenten $u \geq \beta$ gilt, wird dieser Fischerbootagent entfernt.

Um dieses agentenbasierte mikroskopische Fishing Model zu simulieren, implementieren wir es in MATLAB und kalibrieren die Modellparameter μ , θ und ε .

3.4 Kalibrierung der Modellparameter μ , θ und ε

Im Unterschied zum mikroskopischen Fish Model kalibrieren wir die Modellparameter μ , θ und ε des mikroskopischen Fishing Models nur für die Parameter $x_0 = 5000$, $y_0 = 100$, $\kappa = 10000$, $\alpha = 1$, $\beta = 15$, $\eta = 50000$, $p_f = 500$, $p_b = 100000$ und $T = 5$. Dazu implementieren wir in MATLAB einen evolutionären Algorithmus, der abbricht, falls ein Individuum der aktuellen Population $\bar{\delta}_f \leq \tau_f$ und $\bar{\delta}_b \leq \tau_b$ erfüllt, oder eine maximale Anzahl an Durchgängen j_{max} erreicht wird. Wobei τ_f und τ_b die Toleranzen bzgl. des Fisch- und Fischerbootbestandes angeben. Das arithmetische Mittel $\bar{\delta}_b$ der relativen Fehler δ_k^b , mit $k = 1, 2, \dots, T$, bzgl. des Fischerbootbestandes zwischen den Fishing Models ist analog wie $\bar{\delta}_f$ in der Gleichung (3) definiert. Schließlich liefert der evolutionäre Algorithmus für $\tau_f = 0.2$, $\tau_b = 0.3$ und $j_{max} = 25$ die kalibrierten Modellparameter $\mu = 0.027$, $\theta = 1$ und $\varepsilon = 8$.

4 Modellresultate

Das makroskopische und das mikroskopische Fish Model werden für die Parameter $x_0 = 5000$, $\kappa = 10000$ und $T = 8$ miteinander verglichen. Dazu betrachten wir das Maximum $\delta_{max}^f = 0.09$ und das arithmetische Mittel $\bar{\delta}_f = 0.02$ der relativen Fehler δ_k^f , mit $k = 1, 2, \dots, T$, bzgl. des Fischbestandes zwischen den Fish Models. Die Abbildung 3 zeigt den graphischen Vergleich der beiden Fish Models.

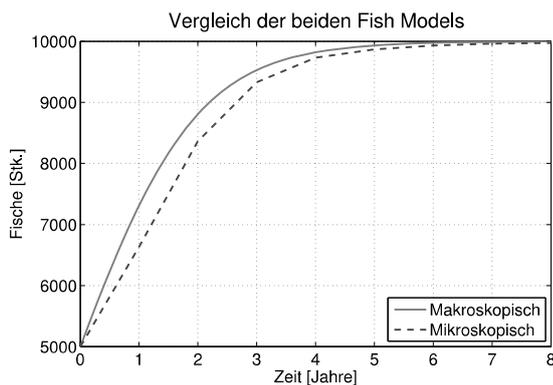


Abbildung 3: Vergleich der beiden Fish Models mit den Parametern $x_0 = 5000$, $\kappa = 10000$ und $T = 8$.

Die beiden Fishing Models werden für die Parameter, mit denen das mikroskopische Fishing Model im Abschnitt 3.4 kalibriert wird, miteinander verglichen. Für den Vergleich betrachten wir die Maxima $\delta_{max}^f = 0.21$ und $\delta_{max}^b = 0.46$, sowie die arithmetischen Mittel $\bar{\delta}_f = 0.14$ und $\bar{\delta}_b = 0.27$ der relativen Fehler bzgl. des Fisch- und Fischerbootbestandes zwischen den Fishing Models. Die Abbildung 4 illustriert den graphischen Vergleich der beiden Fishing Models.

5 Conclusio

In dieser Arbeit präsentierten wir anhand eines ökonomischen Beispiels eine Methode, wie man ein mikroskopisches Analogon zu einem makroskopischen Fishing Model erstellen kann. Das Konzept lässt sich gut für andere, ähnlich strukturierte Differentialgleichungsmodelle verallgemeinern und kann langfristig dazu beitragen, das Verhalten mikroskopischer Modelle besser zu verstehen.

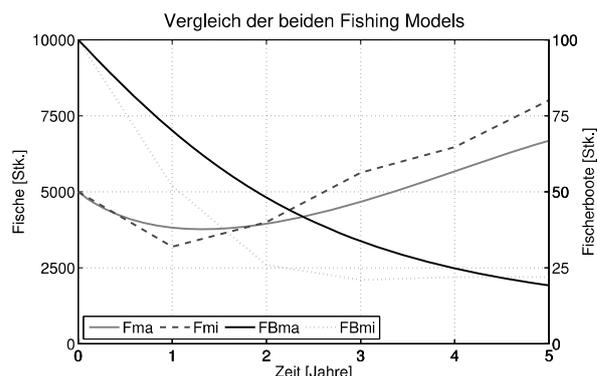


Abbildung 4: Fma bzw. Fmi bezeichnen die Fisch- und FBma bzw. FBmi die Fischerbootbestände des makroskopischen sowie des mikroskopischen Fishing Models.

Literatur

- [1] Bicher M, Glock B, Miksch F, Schneckenreither G, Popper N. Definition, Validation and Comparison of Two Population Models for Austria. In: *Proceedings of 4th UBT Annual International Conference on Business, Technology and Innovation*. Durres, Albania: UBT - Higher Education Institution. 2015; .
- [2] Bonabeau E. Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2002; 99(Supplement 3):7280–7287.
- [3] Zeigler B. Why should we develop simulation models in pairs? 2017.
- [4] Boudec JYL, McDonald D, Munding J. A Generic Mean Field Convergence Result for Systems of Interacting Objects. In: *Proceedings of the 4th International Conference on the Quantitative Evaluation of Systems*. IEEE. 2007; pp. 3–18.
- [5] Bicher M, Popper N. Mean-Field Approximation of a Microscopic Population Model for Austria. In: *Proceedings of the 9th EUROSIM Congress on Modelling and Simulation*. Oulu, Finland. 2016; pp. 544–545.
- [6] Bicher M. Classification of Microscopic Models with Respect to Aggregated System Behaviour. Dissertation, TU Wien, Vienna, Austria. 2017.
- [7] Whelan J. Building the fish banks model and renewable resource depletion: system dynamics education project. *Course material-MIT Sloan School of Management*. 1994;p. 70.