

综 述

有害赤潮数值分析研究进展*

霍文毅 郝建华 俞志明 李全生

(中国科学院海洋研究所 青岛 266071)

摘要 根据国内外最新文献,详细介绍了有害赤潮数值分析的各种方法,包括多元统计分析和赤潮生态数学模型,综述了多种统计方法在分析提取有害赤潮发生主要诱因及判别赤潮发生与否中的应用,评述了最近发展起来的赤潮生态模型,总结了各种数值方法反映的赤潮不同侧面,并对不同方法在实践应用中存在的问题进行了探讨。

关键词 赤潮 多元统计分析 赤潮生态模型

学科分类号 X172

有害赤潮是一种多因素综合引起的生态异常现象,已成为全球海洋的一大灾害。通过对大量数据、资料的分析寻找诱发赤潮的关键因子,提示其发生机制,是赤潮研究的重要内容。过去人们对不同海域发生的赤潮进行了大量的跟踪监测,积累了丰富的第一手资料,但仅依靠定性的描述和分析尚不足以阐明不同海域赤潮的发生机制。随着对赤潮研究的不断深入,近10年来,人们开始探索定量分析的各种方法,但由于影响赤潮生物增殖的因子很多,因子之间的相互作用非常复杂,加之在赤潮基础生物学研究方面尚存在许多不足,因而定量分析的难度很大。目前国内外主要从统计学角度进行赤潮发生诱因的数值分析,赤潮生态系统模型的研究尚处于探索阶段。

1 多元统计分析

70年代末,日本学者吉田阳一(1980)首先将多元统计学方法应用到赤潮数值分析研究中,其主要目的是降维,即对现场海域赤潮生消动态过程中获得的生物、物理、化学、水文、气象等大量监测数据进行统计学处理,从中提取出影响或诱发特定赤潮的某个或某几个关键因子。目前应用的统计方法主要包括主成分分析、多元回归分析、聚类分析、演绎结构分析、判别分析、时间序列分析等。

1.1 主成分分析

在赤潮研究中,主成分分析是把赤潮发生前后及赤潮发展过程中各物理、化学、生物等互相关联的环境因子监测值进行变换组合,在不改变原有数据信息的基础上,形成一组互不相关的新变量,以求更集中、更明确地反映影响赤潮发生的环境诱因。Quchi等(1981)首次应用主成分分析研究环境因子对赤潮形成的贡献,由于受当时对赤潮生物学

* 国家自然科学基金重大资助项目,39790110号。霍文毅,男,出生于1969年12月,博士后, E-mail: Huowenyi@263.net

收稿日期:1998-09-22,收修改稿日期:1999-03-10

研究深度本身的限制,只引入了水温、盐度、TIP、TIN、TON 和 PON 六个变量,其主要贡献是提出了据各样本主成分值制作样本赤潮图,并应用该赤潮图成功预测了濑户内海广岛湾 1982 年不可能发生 *Gyrodinium* 65 型赤潮(Quchi *et al*, 1984a)。随着赤潮基础生物学研究的深入,引入的变量也逐渐增多,如黄奕华等(1997)引入了包括溶解氧、浊度、铁、锰等在内的 14 个变量对中国南海大鹏湾 1990—1991 年春季骨条藻数量进行了主成分分析,结果表明,影响骨条藻数量变化的主要环境因子是氮盐、硅酸盐及水温。

1.2 回归分析

以浮游植物数量或叶绿素 *a* 作因变量,以溶解氧、无机氮、无机磷等环境因子作自变量,可以建立赤潮生物量和环境因子的线性关系;根据赤潮生物量同环境因子的相关系数大小可判断环境因子对赤潮生物增殖的影响程度。其中,逐步回归可剔除与赤潮生物量相关性不显著的变量,从中发现诱发赤潮生物增殖的关键因子,目前在赤潮数值分析中应用较广。Quchi 等(1986)根据方程的复相关系数和变量的偏相关系数来确定引入与剔除变量的个数并计算了广岛湾 1979 年 8 月一次赤潮的多元回归模型,回归结果表明,赤潮藻的数量同水温、盐度、TIP、TIN、TON 关系密切;黄良民等(1994)应用多元逐步回归模式分析了大鹏湾盐田海域 1990 年 3 月—1991 年 8 月叶绿素 *a* 含量同环境因子的关系,结果表明,影响大鹏湾盐田海域叶绿素 *a* 的主要因子有铁、COD 和盐度。

赤潮生物量的变化与环境因子的关系有时不能用简单的回归直线来描述,有些学者改用非线性回归来建立赤潮生物量同环境因子的非线性方程。郑建瑜等(1991)曾用指数回归研究了黄前水库围隔生态系中叶绿素 *a*、COD 和透明度之间的统计关系。但因非线性回归中选择拟合性较好的曲线方程较为困难,且回归分析计算复杂,因而应用较少。

1.3 演绎结构分析

池田三郎等(1986, 1987)最早将演绎结构分析应用于赤潮研究中,其原理是首先确定构成赤潮生物增殖的众多因子的直接或间接因果关系,再利用图表理论导出赤潮发生要素的整体关联结构图。王寿松等(1994)根据大鹏湾 1990—1992 年期间所发生的夜光藻赤潮的大量研究资料,从气象、海况、化学、生物等 4 方面筛选出 22 种基本环境要素,应用演绎结构模拟推导出大鹏湾夜光藻赤潮发生要素的整体关联结构图,简洁明了地展示了夜光藻赤潮的形成与各环境因子的因果关系。演绎结构分析易于推导赤潮发生时大量环境因子之间复杂的因果关系并能以图表化的形式表现出来,可作为建立赤潮动态模型的概念基础,但不能确定各因子在多大程度上影响赤潮藻的增殖效应。

1.4 聚类分析

其基本原理是根据赤潮发生期间水样的理化监测数据及水文气象资料,按某种相似性度量标准对样品进行聚类,得到全部样品的基本聚类谱系图,从中剔除单个或一组因子再次进行聚类,若聚类图形变动,说明剔除的因子对赤潮的发生有重要影响。齐雨藻等(1994)首次应用逐步聚类分析研究了 1991 年 3 月发生于大鹏湾的海洋褐胞藻赤潮,以风速、水温、铁和磷酸盐等 8 项因子为基础对样品进行聚类。结果显示,形成该次赤潮的主要环境因素是铁离子和风速。聚类分析可用于研究较为复杂的结构,但在分类尺度的选择上,因选定的分类尺度不同可能导致不完全相同的聚类结果,给分析解释带来不确定性。

1.5 判别分析

判别分析是对某一用多种指标表示的现象进行识别和确定其归属类型的一种多元分析方法。在赤潮研究中,将目前各环境要素测值代入基于历史资料而构建的判别函数,根据判别值预测当前环境状况下是否会发生赤潮。近年来,判别分析在赤潮研究中应用很广(Quchi, 1984b; Kaito *et al.*, 1985; 王安利等, 1995; 黄奕华等, 1997)。如黄奕华等(1997)以1990年3月和5月南海大鹏湾盐田海域两次赤潮发生全过程的环境因子和赤潮生物量数据为基础,选择水温、盐度、硝态氮等14项环境因子构建了赤潮期、赤潮前期和非赤潮期三类样本的判别方程,用该判别方程对1990年骨条藻赤潮记录的样本进行回报,发现对骨条藻赤潮全过程的样本判对率为64%,表明线性判别在预测赤潮时有一定作用。在实际应用中,建立判别函数应选较多样本,方可使判别模型更准确,并可考虑线性判别函数以外的其它判别模型。

1.6 时间序列分析

赤潮生物量随时间的波动值构成了一系列按时间顺序排列的随机变量,时间序列分析就是构建时间序列模型,将赤潮生物量的波动分解成周期成分(正常波动值)、趋势成分(增殖或死亡的趋势变化)、随机性成分(随机波动)。齐雨藻等(1991)首次应用时间序列分析研究了中国南海大鹏湾夜光藻数量的时间变化,以1990年4月2日—6月10日夜光藻种群数量变化为基础,建立了3个站位6个断面夜光藻种群数量的时间序列模型,得出了各站位表、底层夜光藻数量正常波动的临界值。其主要贡献是,提出根据不同海域赤潮生物量的长期监测值,确定该海域可能形成赤潮时赤潮生物量的临界值,从而开展赤潮的预测预报。

2 赤潮生态模型

2.1 模型的发展及类型

进入90年代以来,海洋生态系统动力学的研究异常活跃,注重对其物理与生物过程耦合作用的研究,而统计学模型忽略了赤潮生态系内各环境因子的时间变化,尚不足以刻画赤潮起始-发展-形成-消亡的动态过程,因此,人们开始研究建立赤潮生态系统动力学模型,即把不同营养水平生物种群的分布和生存变化与食物条件、捕食关系等生物条件以及其它如物理环境等非生物条件联系起来进行分析,建立生物-物理-化学因子耦合模型。

从现已发展起来的模型看,据不同的分类标准可将赤潮生态模型分为不同的类型,如按模拟区域可分为垂直区域上的模型、水平区域上的模型、垂直域和水平域的三维模型(Uchiyama *et al.*, 1989; Kishi *et al.*, 1989; Yanagi *et al.*, 1993; Skogen *et al.*, 1995);按模拟对象可分为营养物质收支模型(黄伟建等, 1996; 王寿松等, 1997, 1998)、赤潮生消过程模型(岸道郎等, 1985)、赤潮生态系统模型(夏综万等, 1997)等。其中有代表性的有汉堡大学海洋研究所近年发展起来的欧洲北海生态模型(Moll, 1995)和夏综万等(1997)建立的中国南海大鹏湾夜光藻赤潮生态仿真模型。本文以后者为例,简单介绍大鹏湾夜光藻赤潮生态仿真模型。

2.2 大鹏湾赤潮生态仿真模型简介

大鹏湾夜光藻赤潮生态仿真模型综合考虑了潮、流、营养物质对赤潮形成的影响,较为成功地模拟了大鹏湾夜光藻赤潮生消过程,其基本结构包括生物动力学子模型和环境

动力学子模型两部分。海洋动力学模型采用常用的二维海洋动力学方程:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \zeta}{\partial t} + \frac{\partial(Hu)}{\partial x} + \frac{\partial(Hv)}{\partial y} &= 0 \\ \frac{\partial u}{\partial t} + u \frac{\partial u}{\partial x} + v \frac{\partial u}{\partial y} - fv &= -g \frac{\partial \zeta}{\partial x} - g \frac{u\sqrt{u^2 + v^2}}{HC^2} \\ \frac{\partial v}{\partial t} + u \frac{\partial v}{\partial x} + v \frac{\partial v}{\partial y} + fu &= -g \frac{\partial \zeta}{\partial y} - g \frac{v\sqrt{u^2 + v^2}}{HC^2} \end{aligned}$$

式中, t 为时间, x 和 y 为东、北方向的坐标; u 和 v 为 x 和 y 方向的流速; ζ 为潮位; $H = \zeta + h$ 为水深, 其中 h 为相对于平均海平面的水深; g 为重力加速度; f 为科氏参量; $C = H^{1/6} / n$ 为 Chey 系数, 其中 n 为表征海底粗糙度的 Manning 系数。赤潮生物动力学模型为:

$$\begin{aligned} \frac{\partial(HE)}{\partial t} + \frac{\partial(HuE)}{\partial x} + \frac{\partial(HvE)}{\partial y} &= \frac{\partial}{\partial x} \left(HA_h \frac{\partial E}{\partial x} \right) + \frac{\partial}{\partial y} \left(HA_h \frac{\partial E}{\partial y} \right) + S_E \\ \frac{\partial(HN)}{\partial t} + \frac{\partial(HuN)}{\partial x} + \frac{\partial(HvN)}{\partial y} &= \frac{\partial}{\partial x} \left(HA_h \frac{\partial N}{\partial x} \right) + \frac{\partial}{\partial y} \left(HA_h \frac{\partial N}{\partial y} \right) + S_N \end{aligned}$$

式中, E 和 N 分别代表海水中的营养物质和赤潮生物量, A_h 是水平涡动系数 (cm^2/s)。其中生物项主要利用了赤潮生物种群生态学和营养动力学原理, 其结构可参阅王寿松等(1997)。

该模型是先建立二维的海洋动力学模型, 然后迭加了赤潮种群动力学模型和营养动力学模型, 模型所选参数不多, 结构相对简单, 可作为发展复杂模型的基础。

2.3 赤潮生态数值模式中的一些问题及未来的发展

赤潮的发生受多种因子的复合交互影响, 同时由于其时间跨度小, 具有突发性。因此, 在对其生消动态过程的模拟中存在着许多要特别注意的问题。

2.3.1 参数的选择 每种赤潮藻的生长都有其最适的环境条件, 尽管可以监测赤潮发生时水体的各种物理、化学、水文、气象等因子, 但这些因子本身之间存在着相关关系, 仅根据某些参数的变化难以发现赤潮生物的增殖是何种因子在起主导作用, 大量增加资料的数量又会带来解析的难度。因此, 合理选择参数就变得尤为重要。首先, 参数的选择应因地域而异, 因不同的海域均有其特定的温盐结构、潮汐、环流机制和地质特征, 必须在对历史赤潮监测资料进行分析的基础上, 选择适合该海域的参数; 其次, 参数的选择应包括对赤潮生物生长有促进作用但相互之间又相对独立的因子, 如在西太平洋浮游植物春季水华模型研究中, 选用浮游植物、浮游动物、营养盐、碎屑 4 个因子作为建模的基本参数 (Yoshimori *et al.*, 1995)。

2.3.2 模型的选择 静态模型描述赤潮发生时某种或某几种环境因子的数量关系, 如 Michaelis-Menton 方程描述了浮游植物的相对增长率与它对海水中营养盐的吸收速率成正比; 动态模型引入了时间变量, 描述赤潮发生与某些因子的动态数量关系, 如王寿松等(1997)建立的大鹏湾夜光藻赤潮的营养动力学模型, 描述了夜光藻的增殖同硅藻数量和营养盐含量变化的动态关系, 黄伟建等(1996)建立的藻类密度变化率模型, 描述了夜光藻

种群密度变化率同水温、TIP 和 TIN 的关系;模拟模型是在动态模型的基础上,系统考虑浮游植物的增殖过程和潮流等物理因素对赤潮形成的影响,将各子过程的模型综合起来,模拟赤潮生物的整个生长过程,如 Hans 等 (1998) 提出的用一维近岸潮流子模型结合生物学子模型描述 *Alexandrium* 种群动力学。静态模型只能描述少数因子的定量关系;动态模型一般只考虑赤潮生态系动态变化的某一侧面;模拟模型则根据动态模型的分析反馈结果,实现赤潮从起始至消亡过程中各种参数时空变化的计算机模拟。模拟模型因综合考虑了多种因子的交互作用及其影响,是未来的主要发展方向。

2.3.3 维数的选择 目前已经发展起来的赤潮生态系统模型有一维、二维、三维模型。大多数浮游藻类,特别是有一定活动能力的赤潮鞭毛藻具有昼浮夜沉的迁移规律,一维模型主要考虑赤潮生物垂直方向的迁移;风对海水的垂直循环和赤潮生物的物理性聚集有重要影响,二维模型除考虑各因子在垂直方向的变化外,同时考虑在主导风向上的变化;三维模型则综合考虑风向、潮汐潮流和赤潮藻垂直迁移等多因素的影响,模型全面体现了赤潮在海域三维空间的变化。随着维数的增加,模型复杂程度也逐步加大,因而应根据资料的可利用性、完善性及不同赤潮藻的生理生态特征选择模型的维数。

2.3.4 模型的耦合 赤潮生态模型往往由多个子模型耦合而成,包括生物过程子模型(如藻类种群增长模型、种间增长竞争模型)、化学过程子模型(如营养盐循环再生模型)和物理过程子模型(如流场模型)。模型耦合时,生物、物理、化学三者截然不同的时空尺度和各子模型精度不一的初始资料,都会影响模型的性能,尽管模拟试验的结果证明耦合模型并不一定能得到比非耦合模型更好的结果(Eigenheer *et al*, 1996),但因其更全面地反映了赤潮生态系的时空变化(Aksnes *et al*, 1995),因此,生物-物理-化学耦合模型仍是未来发展的一个重要方向(Skogen *et al*, 1995)。

2.3.5 资料问题 首先,赤潮生态数值模型对各参数的初始值和边界条件的确定等资料非常敏感,而所需的诸如流场、营养盐的形态及含量、浮游生物的种群结构及时空分布等大量数据资料来源不同、精度不一,会严重影响模型的模拟结果;其次,赤潮持续时间较短,在海区的分布又多呈条带状或斑块状,所采集的数据能否反映赤潮在时间尺度和空间尺度上的变化;再次,模式所需的其它生物参数如赤潮藻的生长率、死亡率、营养盐摄取速率等初始资料的取得依赖于赤潮藻生理生态学的基础研究,所有这些因素综合影响着赤潮生态数值模型的准确性。所以,加强赤潮藻生物学和生理生态学的基础研究以获得准确的实验数据;加强现场监测以获得可靠的初始数据;从时间、空间上加大数据的采集密度以获得完整的赤潮生消过程数据,特别是利用卫星遥感技术获得连续的赤潮空间分布和时间变化资料,是改进模型的重要手段。

3 结语

赤潮的数值分析从多元统计分析发展到综合的赤潮生态数学模型,模型较完善地考虑了赤潮发生过程中生物、物理、化学各因子的互相作用及其动态变化,但仍处于起步阶段,至今还不能解决赤潮生物种群竞争机制及利用模型开展赤潮的预测预报等问题,在未来相当长的时间内,赤潮数值分析的主要工作还应在进一步深化赤潮基础生物学和生理生态学等理论研究的基础上,广泛研究赤潮发生的动态过程,改进赤潮监测数据的采集及参数化方法,探寻建立更合理、准确的生物-物理-化学耦合生态模型,并在理论和实践的

基础上逐步完善, 进而开展赤潮的有效预测预报。

参 考 文 献

- 王安利, 王维娜, 1995. 虾池赤潮与环境因子关系的研究. 海洋学报, 17(2): 128—133
- 王寿松, 冯国灿, 段美元等, 1997. 大鹏湾夜光藻赤潮的营养动力学模型. 热带海洋, 16(1): 1—6
- 王寿松, 冯国灿, 夏综万等, 1994. 大鹏湾夜光藻赤潮发生要素的结构分析. 海洋与湖沼, 25(2): 146—151
- 王寿松, 刘子煌, 夏综万等, 1998. 封闭环境中赤潮发生过程的数学模拟. 海洋与湖沼, 29(2): 164—168
- 齐雨藻, 洪英, 吕颂辉等, 1994. 南海大鹏湾海洋褐胞藻赤潮及其成因. 海洋与湖沼, 25(2): 132—138
- 齐雨藻, 黄伟建, 邱璇漪, 1991. 大鹏湾夜光藻种群动态的时间序列模型. 暨南大学学报, 12(3): 96—103
- 郑建瑜, 袁峻峰, 1991. 围隔生态系中叶绿素 *a* 浓度、化学耗氧量及透明度之间统计关系的研究. 海洋湖沼通报, 3: 41—45
- 夏综万, 于斌, 史键辉, 1997. 大鹏湾的赤潮生态仿真模型. 海洋与湖沼, 28(5): 468—474
- 黄伟建, 齐雨藻, 朱从举等, 1996. 大鹏湾夜光藻种群密度变化率动态模型研究. 海洋与湖沼, 27(1): 29—34
- 黄良民, 钱宏林, 李锦蓉, 1994. 大鹏湾赤潮多发区的叶绿素 *a* 分布与环境关系初探. 海洋与湖沼, 25(2): 197—205
- 黄奕华, 楚建华, 齐雨藻, 1997. 南海大鹏湾盐田海域骨条藻数量的多元分析. 海洋与湖沼, 28(2): 121—127
- 吉田阳一, 1980. 赤潮——发生机制と对策. 东京: 恒星社厚生阁, 90—104
- 池田三郎, 1986. 計画の构造化と同定の数理. 都市計画数理(谷村秀彦ら著). 东京: 朝仓书店, 149—201
- 池田三郎, 中田英昭, 1987. 赤潮发生现象のシスラム分析. 在: 赤潮の科学, 冈市友利编. 东京: 恒星社厚生阁, 255—283
- 岸道郎, 池田三郎, 平野敏行等, 1985. 赤潮生态系の数值モデル. 沿岸海洋研究ノヘト, 22(2): 109—118
- Aksnes D L, Ulvestad K B, Balino B M *et al*, 1995. Ecological modeling in coastal waters: towards predictive physical-chemical-biological simulation models. *Ophelia*, 41: 6—35
- Eigenheer A, Kuhn W, Radach G, 1996. On the sensitivity of ecosystem box model simulations on mixed-layer depth estimates. *Deep-Sea Res*, 43(7): 1 011—1 027
- Hans C E, Timothy W, 1998. A model of *Alexandrium* Population Dynamics. In: Proceedings of the VIII International Conference on Harmful Algae (Vigo, Spain, 25—29 June 1997). Santiago de Compostela (Spain): GRAFISANT, 196—199
- Moll A, 1995. Regionale Differenzierung der Primarproduktion in der Nordsee: Untersuchungen mit Einem drei-dimensionalen Modell. Hamburg: Zentrum für Meeresund Klimaforschung der Universität Hamburg. 1—151
- Kaito S Hirobe H, Maegawa T 1985. On the essential sea water parameters to discriminate between red tide and non red tide by discriminant analysis. *Bull Jap Soc Sci Fish*, 51(1): 1—12
- Kishi M J, Ikeda S, 1989. Numerical Simulation of Red Tide Sensitivity Analysis of Biological Parameters. In: *Red Tides: Biology, Environmental Science, and Toxicology*. New York: Elsevier Science Publishing Co Inc, 177—180
- Quchi A, Takayama H, 1981. A red tide map study by the principal component analysis. *Bull Jap Soc Sci Fish*, 47(10): 1 275—1 279
- Quchi A, Takayama H, 1984a. Prediction of *Gymnodinium* type 65 red tide by means of red tide map. *Bull Jap Soc Sci Fish*, 50(7): 1 201—1 205
- Quchi A, 1984b. Prediction of red tide occurrence by means of discriminant analysis. *Bull Jap Soc Sci Fish*, 50(10): 1 647—1 651
- Quchi A 1986. Simulation of red tide by means of multiple regression and fourier analysis. *Bull Jap Soc Sci Fish*, 52(2): 203—207
- Skogen M D, Svendsen E, Berntsen J *et al*, 1995. Modeling the primary production in the North Sea using a coupled three-dimensional physical-chemical-biological ocean model. *Estuar Coast Shelf Sci*, 41: 545—565

Yanagi T, Yamamoto T, Koizumi Y *et al*, 1993. Numerical Simulation on Red Tide *Gymnodinium* in Suo-Nada and Iyo-Nada. *Bull Jap Soc Fish Ocean*, 57(4):319—331

Uchiyama M, Iwata Y, Okuzawa A *et al*, 1989. Simulation of the area of accumulation of *Chattonella* red tide in Harima Nada, the Seto Inland sea of Japan. In: *Red Tides: Biology, Environmental Science, and Toxicology*. Okaichi T, Anderson D M, Nemoto T ed. New York: Elsevier Science Publishing Co Inc, 173—176

Yoshimori A, Ishizaka J, Kono T *et al*, 1995. Modeling of Spring bloom in the Western Subarctic Pacific (off Japan) with Observed Vertical Density Structure. *J Oceano*, 51:471—488

A REVIEW OF HARMFUL RED TIDE NUMERICAL ANALYSIS

HUO Wen-yi, HAO Jian-hua, YU Zhi-ming, LI Quan-sheng

(*Institute of Oceanology, The Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071*)

Abstract Red tides or harmful algal blooms(HAB) are becoming progressively serious in global seas with negative effects on marine fishing resources, mariculture and human health. Numerical analysis is an important tool in studying the dynamic processes of environmental factors affecting red tides, revealing the causes of red tides, analyzing the mechanism of red tides and forecasting their occurrence.

In the past few decades, multi-variance statistical methods have been applied to analyzing the inter-relationships between biological, physical and chemistry factors. Commonly used methods include Principal Component Analysis, Regression Analysis, Interpretive Structural Modeling (ISM), Cluster Analysis, Discriminant Analysis and Time Series Analysis. Of these methods, Stepwise Cluster Analysis and Time Series Analysis were established recently and have been applied for the South China Sea region.

As an improvement in red tide research, the important roles of physical causes for the occurrence of red tides have been recognized. In recent years, lots of ecology mathematical models of red tides have been developed to study the coupling action of physical and biological causes. Generally speaking, an ecology mathematical model of red tides mainly consists of a biology sub-model, a chemistry sub-model and a physics sub-mode. Some problems of model application (including selection of model parameter, type, dimension, coupling and data) are evaluated in detail.

Up to now, the ecology mathematical model of red tides has achieved success in varying degrees in describing the various dynamic factors, but it can't solve some problems such as the competing mechanism of phytoplankton population and the prediction of red tides. In the future, the development of ecology mathematical models of red tides will depend on the progress in physiological and ecological research and the data collecting techniques. The coupling model of biology-physiology-chemistry will be an important direction in future red tide numerical analysis.

Key words Red tide Multi-variance statistics analysis Red tide ecology model

Subject classification number X172