

基于灰色系统理论的网箱养殖大黄鱼疾病预报

Owen Mbokigwe Kibona¹, 倪海儿^{1*}, 王国良¹, 吴雄飞²

(1. 宁波大学海洋学院, 浙江 宁波 315211;

2. 宁波市海洋渔业研究院, 浙江 宁波 315012)

摘要: 为预报网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的发生, 以舟山市网箱养殖大黄鱼为研究对象, 根据 2001—2008 年间舟山市网箱养殖大黄鱼发病情况的监测数据和各采样点海洋环境因子的测定数据, 应用灰色系统理论探索了网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的发生发展规律及其与环境因子的关系; 建立了灰色预报模型 GM(1,1) 和 GM(1,N), 预报网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的发生时间和发病率。灰色关联分析结果表明, 大黄鱼细菌性疾病的发病率与养殖水域的环境因子都有不同程度的关联; 把水温、悬浮物、无机氮和 COD 选作先行指标, 用这些因子的不同组合建立了 GM(1,5)、GM(1,4) 和 GM(1,3) 模型, 比较这些模型的平均相对误差, 由无机氮和 COD 构成的 GM(1,3) 模型平均相对误差最小, 为 5.304%; 用 GM(1,1) 模型对大规模细菌性疾病发生的时间进行了预测, 预测结果与实际情况基本一致。

关键词: 大黄鱼; 细菌性疾病; 灰色模型

中图分类号: S 942

文献标志码: A

对养殖动物病害的预防是目前水产养殖业健康可持续发展的关键之一。虽然国内外学者对水产养殖动物病害的病源生物学^[1-2]、流行病学^[3]、病原鉴定^[4-6]、致病机理、免疫防治^[7-9]等方面作过大量研究, 但对养殖生物病害的预报方法的研究却少有报道。倪海儿等^[10]和冯振飞等^[11]曾尝试用多元统计等方法对网箱养殖大黄鱼等养殖动物的疾病预报模型进行了研究。为促使水产养殖生物病害预报研究的深入展开, 本实验引入灰色系统理论, 探索网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的发生发展规律及其与环境因子的关系, 在此基础上建立了网箱养殖大黄鱼细菌性疾病预报的灰色模型 (grey model, GM), 以期对网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的预报提供方法, 也为其它水产养殖生物的疾病预报提供思路和途径。

1 灰色建模方法

水产养殖系统是一个复杂的生态系统, 这个

系统的内外扰动都有可能引发养殖生物的疾病。这些扰动有些是可以已知的, 但还有很多是未知的, 如何通过已知信息的生成、开发, 探索系统的规律性, 从而实现对系统特征、变化规律的监控是鱼病预报的关键。灰色系统理论正是以这种“部分信息已知、部分信息未知”的不确定系统为研究对象, 通过对已知信息的生成和开发实现对现实世界的确切描述和认识^[12], 是研究“小样本”、“贫信息”等不确定系统的方法。

1.1 灰色关联分析

鱼类疾病的发生与环境因子的变化密切相关。养殖水域环境因子的变化, 一方面直接影响鱼类的代谢活动, 另一方面也通过影响水域的物质循环和生物因子的消长而间接作用于鱼类, 形成鱼类发病的条件, 从而引发鱼类疾病。因此, 在鱼类疾病的预报中, 需要分析环境因子及其变化与其疾病发生的关系, 找出与鱼类疾病相关的环境因子。灰色关联分析可通过对两个因子间互动程度的估算与分

收稿日期: 2012-11-13 修回日期: 2012-12-18

资助项目: 宁波市岱衢族大黄鱼科技创新团队 (2011B82018); 公益性行业 (农业) 科研专项 (200903029); 国家星火计划项目 (2011GA701001); 宁波市重大科技攻关项目 (2011C1105)

通信作者: 倪海儿, E-mail: nihaier@nbu.edu.cn

析,来衡量因子之间关联程度的大小。因此它可用
来寻找和分析与鱼类发病相关联的环境因子。

记原始数据序列为 $X_i (i = 0, 1, \dots, p)$, 其中
 $X_0 = [x_0(1), x_0(2), \dots, x_0(n)]$ 为鱼类发病程度
序列, $X_i = [x_i(1), x_i(2), \dots, x_i(n)] (i = 1, 2, \dots,$

$$\gamma[x_0(k), x_i(k)] = \frac{\min_i \min_k |x'_0(k) - x'_i(k)| + \xi \max_i \max_k |x'_0(k) - x'_i(k)|}{|x'_0(k) - x'_i(k)| + \xi \max_i \max_k |x'_0(k) - x'_i(k)|} \quad (2)$$

其中, $\xi \in (0, 1)$ (本文中取 0.5) 称为分辨系数。
 X_0 与 X_i 的灰色关联度则为

$$\gamma(X_0, X_i) = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \gamma[x_0(k), x_i(k)] \quad (3)$$

灰色关联度反映了两个序列变化过程一致程
度的高低,灰色关联度愈大,两个序列的变化过程
愈一致。

1.2 灰色模型(GM)的建立

GM(1,1)模型 与一般事物的发展规律
一样,鱼类疾病的发生和发展也应有一定的规律。
GM(1,1)模型是通过已有序列的研究,去寻找
和发现事物发展变化的规律,从而推测序列未来
的发展。因此利用它可通过对鱼类发病状况的分
析,来推测其发展的趋势。

设原始数据序列为 $X^{(0)} = (x^{(0)}(1), x^{(0)}(2),$
 $\dots, x^{(0)}(n))$, 按式(4)对它进行一次累加(1 -
AGO), 得到序列 $X^{(1)} = (x^{(1)}(1), x^{(1)}(2), \dots, x^{(1)}$
 $(n))$ 。

$$x^{(1)}(k) = \sum_{i=1}^k x^{(0)}(i); k = 1, 2, \dots, n \quad (4)$$

然后对 $X^{(1)}$ 进行紧邻均值生成,得到紧邻均
值生成序列 $Z^{(1)} = [z^{(1)}(1), z^{(1)}(2), \dots, z^{(1)}$
 $(n)]$, 这里

$$z^{(1)}(k) = 0.5x^{(1)}(k) + 0.5x^{(1)}(k-1);$$

$$k = 2, 3, \dots, n \quad (5)$$

GM(1,1)模型的基本形式为

$$x^{(0)}(k) + az^{(1)}(k) = b \quad (6)$$

它的白化方程是

$$\frac{dx^{(1)}}{dt} + ax^{(1)} = b \quad (7)$$

其中, a 为发展系数,它反映了 $\hat{x}^{(1)}$ 及 $\hat{x}^{(0)}$ 的发展
态势, b 是灰色作用量。

由最小二乘法^[13]估计 a 和 b , 得到的时间响
应序列为

$$\hat{x}^{(1)}(k+1) = \left(x^{(0)}(1) - \frac{b}{a}\right)e^{-ak} + \frac{b}{a},$$

p) 是环境因子序列。对 X_i 计算

$$x'_i(k) = \frac{x_i(k)}{x_i(1)}; k = 1, 2, \dots, n [x_i(1) \neq 0],$$

$$(i = 0, 1, \dots, p) \quad (1)$$

得到它的初值像 X'_i 。由下式计算 X_0 与 X_i 在 k 点
的关联系数

$$k = 1, 2, \dots, n \quad (8)$$

将该序列还原生成,即可得到原始序列的估

计序列 $\hat{X}^{(0)}$ 。

$$\hat{x}^{(0)}(k+1) = \hat{x}^{(1)}(k+1) - \hat{x}^{(1)}(k) =$$

$$(1 - e^{-a}) \left(x^{(0)}(1) - \frac{b}{a}\right) e^{-ak};$$

$$k = 1, 2, \dots, n \quad (9)$$

GM(1,N)模型 GM(1,N)是多变量模
型,它可描述系统特征数据序列随相关因素序列
变化的关系。灰色关联分析可找出与鱼类疾病相
关联的环境因子,进而可由 GM(1,N)建立鱼类的
发病率与环境因子的关系,从而通过对环境因
子变化的监测来预报疾病的发生。

记原始数据序列为 $X_i^{(0)} (i = 0, 1, \dots, p)$, 其中
 $X_0^{(0)} = [x_0^{(0)}(1), x_0^{(0)}(2), \dots, x_0^{(0)}(n)]$ 为鱼类发病
程度序列, $X_i^{(0)} = [x_i^{(0)}(1), x_i^{(0)}(2), \dots, x_i^{(0)}(n)]$
 $(i = 1, 2, \dots, p)$ 是与之相关的环境因子序列。

对原始数据序列 $X_i^{(0)} (i = 0, 1, \dots, p)$ 按(4)式
进行一次累加生成,得到 $X_i^{(0)}$ 的 1 - AGO 序列
 $X_i^{(1)} = [x_i^{(1)}(1), x_i^{(1)}(2), \dots, x_i^{(1)}(n)] (i = 0, 1,$
 $\dots, p)$, 然后对 $X_0^{(1)}$ 按式(5)作紧邻均值生成,得
到序列 $Z_0^{(1)} = [Z_0^{(1)}(1), Z_0^{(1)}(2), \dots, Z_0^{(1)}(n)]$, 建
立 GM(1,N)模型为

$$x_0^{(0)}(k) + az_0^{(1)}(k) = \sum_{i=1}^p b_i x_i^{(1)}(k) \quad (10)$$

它的白化方程为

$$\frac{dx_0^{(1)}}{dt} + ax_0^{(1)} = \sum_{i=1}^p b_i x_i^{(1)} \quad (11)$$

近似的时间响应式为

$$\hat{x}_0^{(1)}(k+1) = \left(x_0^{(1)}(1) - \frac{1}{a} \sum_{i=1}^p b_i x_i^{(1)}(k+1)\right) e^{-ak} +$$

$$\frac{1}{a} \sum_{i=1}^p b_i x_i^{(1)}(k+1) \quad (12)$$

累减还原后即得原始数据序列的估计序列。

模型可靠性的度量 建立灰色模型后,需对模型的拟合精度进行分析,相对误差是最常用的衡量指标^[12]。

建立灰色模型后,计算原始数据和模型估计值的离差,得到的残差序列为

$$\hat{\varepsilon}^{(0)} = [\hat{\varepsilon}(1), \hat{\varepsilon}(2), \dots, \hat{\varepsilon}(n)] = \\ (x^{(0)}(1) - \hat{x}^{(0)}(1), x^{(0)}(2) - \hat{x}^{(0)}(2), \\ \dots, x^{(0)}(n) - \hat{x}^{(0)}(n))$$

式中, $X^{(0)} = (x^{(0)}(1), x^{(0)}(2), \dots, x^{(0)}(n))$ 为原始数据序列, $\hat{X}^{(0)} = [\hat{x}^{(0)}(1), \hat{x}^{(0)}(2), \dots, \hat{x}^{(0)}(n)]$ 为模型的模拟序列。

计算每一观察点的相对误差

$$\Delta_k = \left| \frac{\hat{\varepsilon}(k)}{x^{(0)}(k)} \right|; k = 1, 2, \dots, n$$

得到模型的平均相对误差为

$$\bar{\Delta} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \Delta_k \quad (13)$$

平均相对精度即为 $1 - \bar{\Delta}$, $\bar{\Delta}$ 愈小,模型的拟合精度愈高。

2 网箱养殖大黄鱼疾病的灰色预报模型

在 2001—2008 年间,监测了舟山市定海区、

岱山区、普陀区网箱养殖大黄鱼的养殖情况、发病和死亡情况,并对其病因作了分析。同时在这三个区域分别设立采样点,定期测定了这些采样点的理化因子和生物因子,包括水温、盐度,悬浮物、溶解氧、pH、磷酸盐、硅酸盐、硝氮、亚硝氮、氨氮、无机氮、化学耗氧量(COD)、浮游动物、浮游植物的种类和数量等 14 个指标,测定方法依据海洋监测规范^[14]。

分析网箱养殖大黄鱼疾病的发病情况和病因,发现细菌性疾病是大黄鱼的主要疾病,它的发病范围广、死亡率高,是影响大黄鱼养殖生产的主要病害^[15-17],因此本实验以网箱养殖大黄鱼的细菌性疾病为对象进行研究。

2.1 GM(1,1)模型的灾变预报

表 1 是 2001 年至 2008 年舟山市网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的发生情况。分析 2001—2006 年大黄鱼细菌性疾病的发病情况,发现每年都有一次较大范围的发病,全市发病水体在 3 000 m³ 以上,最高达 36 000 m³。如果能提前预报,做好积极的预防措施,有可能减少发病的范围或避免疾病的发生。

表 1 2001—2008 年大黄鱼细菌性疾病发病范围

Tab. 1 Occurring scope of bacteroidal disease of large yellow croaker from 2001 to 2008

年 year	月 month											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2001	0	0	0	0	0	0	0	0	4002	0	0	0
2002	0	0	0	0	0	372	1 939	1 656	3 386	1 322	0	0
2003	0	0	0	0	210	270	1 500	5 300	2 400	672	0	0
2004	0	400	0	1 500	0	0	0	2 700	1 200	30 000	1 500	0
2005	0	0	0	0	0	0	8 640	0	0	0	0	0
2006	0	0	0	0	0	0	0	36 000	18 000	2 400	2 400	0
2007	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2008	0	0	0	0	0	0	2 000	0	0	0	0	0

为预报大规模细菌性疾病的发生,以 2001—2006 年大黄鱼细菌性疾病为建模样本,建立每年最大规模疾病的序列为 $Y^{(0)} = [y(9), y(21), y(32), y(46), y(55), y(68)] = (4002, 3386, 5300, 30000, 8640, 36000)$ 与之对应的疾病发生的时间(月)序列为

$$X^{(0)} = [x^0(1), x^0(2), x^0(3), x^0(4), x^0(5), \\ x^0(6)] = (9, 21, 32, 46, 55, 68)$$

由式(4)、(5)对 $X^{(0)}$ 进行一次累加生成和紧邻均值生成,得到序列 $X^{(1)}$ 和 $Z^{(1)}$,建立模型

$$x^{(0)}(k) + az^{(1)}(k) = b$$

由最小二乘法得到 a 和 b 的估计分别为

$$a = -0.2568, b = 19.5977$$

则灾变时间序列 GM(1,1)的序号响应式为

$$\begin{cases} \hat{x}^{(1)}(k+1) = 85.3291e^{0.256753k} - 76.3291 \\ \hat{x}^{(0)}(k+1) = \hat{x}^{(1)}(k+1) - \hat{x}^{(1)}(k) \end{cases} \quad (14)$$

从而得到 $X^{(0)}$ 的模拟序列为

$$\hat{X}^{(0)} = [\hat{x}^0(1), \hat{x}^0(2), \hat{x}^0(3), \hat{x}^0(4), \hat{x}^0(5), \hat{x}^0(6)] = \\ (9, 24.9780, 32.2897, 41.7417, 53.9605, 69.7561)$$

由式(13)计算模拟的平均相对误差得 $\bar{\Delta} = 6.7155\%$, 模型拟合的精度等级在二~三级之间^[12]。进而由模型(14)预测下期大规模细菌性疾病发生的时间, 得到的预测值为

$$\hat{x}^{(0)}(6+1) = 90.1755$$

因 $\hat{x}^{(0)}(6+1) - x^{(0)}(6) = 90.1755 - 68 = 22.1755$, 可预测在 2006 年 8 月起的 22 个月以后, 即 2008 年 6 月后 7 月初会发生大范围的细菌性疾病。由表 1 可见实际上舟山市 2007 年确实没有发生大范围的细菌性疾病, 而在 2008 年 7 月发生了细菌性疾病, 模型较准确地预报了大范围的细菌性疾病的发病时间。

2.2 GM(1, N) 模型

GM(1, 1) 是单序列模型, 它只能根据序列自身的变化过程来预测它的发展趋势。考虑到鱼类疾病发生的原因是多方面的, 除了鱼类体质等自身的问题外, 养殖水域环境因子的变化则是疾病发生的诱因, 因此同时考虑环境因子的变化可能会对疾病的预报提供更多的信息。

发病率与环境因子的关联分析 为充分利用环境因子的变化对大黄鱼细菌性疾病的发生与发展提供的信息, 首先需了解环境因子及其变化与大黄鱼细菌性疾病的发生与发展的关系。由式(1)~(3)计算疾病的发病率序列 X_0 与水温、盐度、悬浮物、溶解氧、pH、磷酸盐、硅酸盐、硝氮、亚硝氮、氨氮、无机氮、COD、浮游动物、浮游植物等 14 个环境因子的关联度 $\gamma(X_0, X_i)$, 得到的结果列于表 2 第一列。从表 2 可见, 大黄鱼疾病的发生与这些环境因子的变化都有着不同程度的关联, 关联度在 0.8 以上的有水温、悬浮物、COD, 无机氮、硝氮、亚硝氮、氨氮。这些环境因子的变化与大黄鱼细菌性疾病的发生和发展有较大程度的关联。但这些变化趋势未必均是同步的, 当气候等外界环境发生变化时, 养殖水域有些环境因子先行发生变化, 当这些变化达到一定程度, 超过鱼类的生理极限时,

就有可能引发疾病。为对鱼类疾病的发生进行有效的监测与预警, 需考虑环境因子变化与鱼类疾病发生的这种超前关系, 即引发鱼类疾病发生的先行指标。为此将环境因子序列提前一阶计算与发病率序列的关联度, 记为 $\gamma'(X_0, X_i)$, 即

$$\gamma'(X_0, X_i) = \frac{1}{n-1} \sum_{k=1}^{n-1} \gamma[x_0(k+1), x_i(k)]$$

得到的结果见表 2 的第二列。从表 2 可见, $\gamma'(X_0, X_i)$ 大于 0.8 的有水温、悬浮物、无机氮和 COD, 因此把这四个因子作为大黄鱼细菌性疾病的预报因子。

表 2 细菌性疾病的发病率与环境因子的关联度

Tab. 2 Degrees of grey incidence between the incidence of the disease and the environmental factors

因子 factor	关联度	
	degrees of grey incidence	
	$\gamma(X_0, X_i)$	$\gamma'(X_0, X_i)$
水温/°C water temperature	0.867	0.906 7
盐度 salinity	0.665 7	0.767
悬浮物/(mg/L) suspended solid	0.856 4	0.868 4
溶解氧/(mg/L) dissolved oxygen	0.773 4	0.770 9
pH	0.795 3	0.781 7
磷酸盐/(mg/L) phosphate	0.799	0.765 5
硅酸盐/(mg/L) silicate	0.721 4	0.770 4
硝氮/(mg/L) saltpetre nitrogen	0.809 3	0.720 1
亚硝氮/(mg/L) nitrite nitrogen	0.807 5	0.738 9
氨氮/(mg/L) ammonia nitrogen	0.802 7	0.720 9
无机氮/(mg/L) inorganic nitrogen	0.811 4	0.903 7
COD/(mg/L) chemical oxygen depletion	0.844	0.837 2
浮游植物/L phytoplankton	0.689 5	0.675 8
浮游动物/(mg/m ³) zooplankton	0.703 4	0.704 5

GM(1, N) 模型 为建立大黄鱼的发病率与环境因子的动态关系, 以 2003 年 5—10 月的发病率为特征数据序列 $X_0^{(0)}$, 提前一期的水温、悬浮物、无机氮和 COD 为相关因素序列 $X_1^{(0)}$ 、 $X_2^{(0)}$ 、 $X_3^{(0)}$ 、 $X_4^{(0)}$, 建立 GM(1, 5) 模型如下

$$\left\{ \begin{array}{l} \hat{x}^{(1)}(k+1) = \left(10.05 - \frac{1}{2.2270}(-0.1348x_1^{(1)}(k+1) + 0.04068x_2^{(1)}(k+1) - \right. \\ \left. 35.4121x_3^{(1)}(k+1) + 46.0857x_4^{(1)}(k+1) \right) e^{-2.2270k} + \frac{1}{2.2270}(-0.1348x_1^{(1)}(k+1) + \\ 0.04068x_2^{(1)}(k+1) - 35.4121x_3^{(1)}(k+1) + 46.0857x_4^{(1)}(k+1)) \\ \hat{x}^{(0)}(k+1) = \hat{x}^{(1)}(k+1) - \hat{x}^{(1)}(k) \end{array} \right. \quad (15)$$

计算模型的拟合值, 得到的模拟序列与原发病率序列、各观察点的残差一起列于表 3 的第

1~3 列, 计算模型的平均相对误差为 7.979 1%, 预报的平均精度为 92.020 9%。

表 3 GM(1,5)、GM(1,4)和 GM(1,3)的模拟值和拟合残差
Tab.3 Simulation value and its residual by GM(1,5), GM(1,4) and GM(1,3)

观察值 observational value	GM(1,5)		GM(1,4)		GM(1,3)	
	模拟值 simulation value	残差 residual	模拟值 simulation value	残差 residual	模拟值 simulation value	残差 residual
10.05	10.050 0		10.050 0		10.05	
1.16	0.982 1	0.177 9	0.874 8	0.285 2	1.2046	-0.044 6
6.03	5.820 5	0.209 5	6.083 1	-0.053 1	5.6076	0.422 4
22.08	21.306 8	0.773 2	22.117 7	-0.037 7	21.337	0.743
10.00	10.645 7	-0.645 7	9.809 3	0.190 7	10.714 8	-0.714 8
3.17	3.522 7	-0.352 7	3.746 6	-0.576 6	3.333 5	-0.163 5

一般地当模型中引入与特征数据序列关联度大的相关因素序列时,会为特征数据序列发展趋势的预测提供更多的信息。但增加相关因素序列,也会增加预报的风险,尤其是当这些相关因素序列本身的关联度很大时,由于这些序列本身的波动,可能反而增加模型的波动性,使预报误差增大。同时模型中相关因素序列的增加会增加应用的难度,因此一个好的模型应当是在保证模型的

拟合度的同时,使得预报变量尽可能的少。为此在这 4 个相关因子序列中分别选择 3 个、2 个的不同组合建立 GM(1, N) (N = 3, 4) 模型,得到 4 个 GM(1, 4) 模型和 6 个 GM(1, 3) 模型。分别比较各组的相对误差,4 个 GM(1, 4) 模型的平均相对误差为 8.026 2% ~ 11.113 6%,均超过 GM(1, 5) 模型,平均相对误差最小(8.026 2%)的是由悬浮物、无机氮、COD 构建的模型

$$\left\{ \begin{aligned} \hat{x}^{(1)}(k+1) &= \left\{ 10.05 - \frac{1}{2.3307} [0.1422x_1^{(1)}(k+1) - 54.6222x_2^{(1)}(k+1) + \right. \\ & 62.1576x_3^{(1)}(k+1)] e^{-2.3307k} + \frac{1}{2.3307} [0.1422x_1^{(1)}(k+1) - \\ & \left. 54.6222x_2^{(1)}(k+1) + 62.1576x_3^{(1)}(k+1)] \right\} \\ \hat{x}^{(0)}(k+1) &= \hat{x}^{(1)}(k+1) - \hat{x}^{(1)}(k) \end{aligned} \right. \quad (16)$$

其中, $X_1^{(0)}$ 、 $X_2^{(0)}$ 、 $X_3^{(0)}$ 分别为悬浮物、无机氮和 COD 序列。

比较 6 个 GM(1,3) 模型,有 5 个模型的平均相对误差均超过 GM(1,5) 模型,为 11.707% ~

62.839 2%,只有一个为最小,平均相对误差仅为 5.304%,它是由无机氮和 COD 构成的,模型的表达式为

$$\left\{ \begin{aligned} \hat{x}^{(1)}(k+1) &= \left\{ 10.05 - \frac{1}{2.2092} [-54.7598x_1^{(1)}(k+1) + 56.4861x_2^{(1)}(k+1)] e^{-2.3307k} + \right. \\ & \left. \frac{1}{2.2092} [-54.7598x_1^{(1)}(k+1) + 56.4861x_2^{(1)}(k+1)] \right\} \\ \hat{x}^{(0)}(k+1) &= \hat{x}^{(1)}(k+1) - \hat{x}^{(1)}(k) \end{aligned} \right. \quad (17)$$

其中, $X_1^{(0)}$ 、 $X_2^{(0)}$ 分别为无机氮和 COD 序列。以上两个模型的模拟值和残差列于表 3 的第 4~7 列。

根据以上建立的 GM(1, N) 模型,只要测定当期的相关因子的值,就能对下期的网箱养殖大黄鱼的细菌性疾病的发病程度进行预报。

比较式(15)的 GM(1,5) 模型与式(17)的 GM(1,3) 模型,GM(1,3) 模型少了两个环境因子序列,水温 and 悬浮物,从拟合结果看拟合残差反而减少。水温作为先行指标与大黄鱼细菌疾病发生

的关联度为最大,可见水温的上升是大黄鱼细菌疾病发生的先决条件,而当水温达到某一范围后,疾病的发生与发展则取决于养殖水域的水质状况。悬浮物的数量增加,会影响浮游植物的光合作用,使有机物消耗增加,水体的物理化学特性发生改变^[18],如无机氮、COD,因此悬浮物与无机氮、COD 都有较大的关联度(分别为 0.874 6, 0.962 8),它对发病率的效应主要体现在无机氮、COD 的变化上。因此模型中增加了水温和悬浮

物这两个环境因子,反而增加了模型的不确定性,使得拟合精度下降。

3 讨论

建立稳定、可靠的预报模型是养殖鱼类病害预报的关键。作者在网箱养殖大黄鱼溃疡病的预报模型中,曾用统计模型对大黄鱼的溃疡病进行了预报。但是统计模型要求观察值符合一定的概率分布,并且要求样本的容量较大,这在实际应用中有时很能做到。灰色系统理论是针对小样本、贫信息的情况进行分析,并且没有概率分布的要求,因此它可弥补统计模型的不足。从本文建立的 GM(1,1) 和 GM(1,N) 模型看,它们对大黄鱼细菌性疾病的发病时间和发病程度都有较高的预报或拟合精度。

正确选择能够反映养殖生态系统的平衡协调情况和养殖生物生长情况的预报因子,是成功建立预报模型的前提。在统计模型中,通常用相关系数来描述随机变量之间的相互关系,寻找与疾病发生相关程度高的指标作为预报指标,但相关系数只能说明随机变量之间的线性关系的密切程度。而养殖生态系统往往不是简单的线性系统,而是由非线性相互作用的多要素构成的开放的复杂系统,其发展趋势是动态的、不稳定的。灰色关联分析能根据变量曲线的几何形状的相似程度来衡量它们之间关系的密切程度,因此它可对两个因子间的互动程度进行分析。本文中采用灰色关联分析,提取与大黄鱼细菌性疾病发生与发展协同变化的环境因子,为建立稳定、可靠的预报模型提供了基础。

精确完整的数据是进行分析研究的基础,由于有些采样点数据缺失,为提高研究精度,本文选用了数据完整的序列对网箱养殖大黄鱼细菌性疾病的灰色模型的构建和预报进行了尝试。在实际应用中,如果能不断地更新数据,及时地将新的信息加入到模型中,将会提高模型的预测精度。

参考文献:

- [1] Toranzo A E, Magarinos B, Romalde J L. A review of the main bacterial fish diseases in mariculture systems[J]. *Aquaculture*, 2005, 246(1-4): 37-61.
- [2] Wang G L, Yuan S P, Jin S. Nocardiosis in large yellow croaker, *Larimichthys crocea* (Richardson) [J]. *Journal of Fish Diseases*, 2005, 28(6):

339-345.

- [3] 王国良, 薛良义, 金珊, 等. 海水网箱养殖鲈鱼皮肤溃疡病的流行病学研究[J]. *水生生物学报*, 2000, 24(4): 392-395.
- [4] 梅冰, 周永灿, 徐先栋, 等. 斜带石斑鱼烂尾病病原菌的分离与鉴定[J]. *热带海洋学报*, 2010, 29(6): 118-124.
- [5] 薛淑霞, 孙金生. 检测鲆鱼腹水病病原菌迟缓爱德华氏菌和溶藻弧菌的嵌套 PCR 方法[J]. *水生生物学报*, 2008, 32(6): 856-859.
- [6] 李清禄, 陈强. 海水网箱养殖大黄鱼细菌性病原鉴定与感染治疗研究[J]. *应用与环境生物学报*, 2001, 7(5): 489-493.
- [7] 相建海, 刘保忠. 重要海水养殖动物病害发生和免疫防治的基础研究[J]. *生命科学*, 2007, 19(4): 396-398.
- [8] 朱蓉, 张义兵, 张奇亚, 等. 牙鲆 HRI 多克隆抗体的制备及病毒诱导的组织表达分析[J]. *水生生物学报*, 2007, 31(1): 119-124.
- [9] 王军, 鄢庆彬, 苏永全, 等. 免疫添加物对大黄鱼血液中白细胞数量及其吞噬功能的影响[J]. *海洋科学*, 2001, 25(9): 44-46.
- [10] 倪海儿, 王国良. 网箱养殖大黄鱼溃疡病的预报模型[J]. *水产学报*, 2009, 33(2): 334-341.
- [11] 冯振飞, 王国良, 倪海儿. 养殖锯缘青蟹黄水病流行病学及其预报模型[J]. *水产科学*, 2009, 28(12): 713-716.
- [12] 刘思峰, 党耀国, 方志耕, 等. 灰色系统理论及其应用[M]. 5 版. 北京: 科学出版社, 2010.
- [13] 倪海儿, 钱国英. 概率论与生物统计[M]. 杭州: 浙江大学出版社, 2006: 159-212.
- [14] 国家海洋局. 海洋监测规范[S]. 北京: 中国标准出版社, 1999.
- [15] 王国良, 祝璟琳, 金珊. 养殖大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 3 种致病弧菌的分子鉴定及其系统发育分析[J]. *海洋与湖沼*, 2008, 39(2): 162-167.
- [16] 王军, 苏永全, 张朝霞, 等. 闽南地区养殖大黄鱼细菌性疾病的病原生物学研究[J]. *厦门大学学报: 自然科学版*, 2001, 40(1): 85-91.
- [17] 毛芝娟, 刘国勇, 陈昌福. 大黄鱼溃疡病病原菌的初步分离与鉴定[J]. *安徽农业大学学报*, 2002, 29(2): 178-181.
- [18] 倪海儿, 王国良. 网箱养殖大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 疾病与环境因子的关系[J]. *海洋与湖沼*, 2009, 40(1): 72-77.

A forecasting model for bacterial disease of cage cultured large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea*) based on grey system theory

Owen Mbokigwe Kibona¹, NI Haier^{1*}, WANG Guoliang¹, WU Xiongfei²

(1. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China;

2. Ningbo Academy of Oceanology and Fishery, Ningbo 315012, China)

Abstract: Disease forecasting is an effective method for diseases prevention of aquiculture animals. In quest of the forecast approach to the disease of aquiculture animals, taking cage cultured large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea*) in Zhoushan as the object, this paper studied the forecasting models of the bacterial disease of large yellow croaker using grey system theory. The diseases incidence of cage cultured large yellow croaker in Zhoushan was examined during 2001 – 2008, and marine environmental factors were surveyed synchronously. It involved water temperature, salinity, suspended solid, dissolved oxygen, pH, phosphate, silicate, saltpetre nitrogen, nitrite nitrogen, ammonia nitrogen, inorganic nitrogen, COD (chemical oxygen depletion), phytoplankton, zooplankton and so forth. Based on these data, the occurring rule of the bacteroidal disease of cage cultured large yellow croaker was examined, and the relationship between the disease and environmental factors of surrounding sea waters was investigated. The grey forecasting models GM(1, 1) and GM(1, N) were established to forecast the timing or incidence of the disease. The grey relational analysis showed that the incidence of the disease was related to environmental factors to the different extent. Taking water temperature, the suspended solid, inorganic nitrogen and COD as forecasting factors, the GM(1, 5), GM(1, 4) and GM(1, 3) were constructed respectively. Compared with other models, the GM(1, 3) constructed by inorganic nitrogen and COD had the least mean relative simulation error. GM(1, 1) was also established, it well forecast the occurring data of the bacterial disease in wider scope.

Key words: *Pseudosciaena crocea*; bacterial disease; grey model

Corresponding author: NI Haier. E-mail: nihaier@nbu.edu.cn