

## 柑桔全爪螨自然种群动态的模拟模型\*

周建中 罗志义

(中国科学院上海昆虫研究所, 200025)

S436.661.2

## 摘 要

本文运用时间序列分析方法对上海市长兴岛前卫农场柑桔园内柑桔全爪螨及其天敌江原钝绥螨的种群动态进行分析研究和模拟, 分别建立了关于柑桔全爪螨种群数量动态的多元非线性回归模型和多元混合回归模型。藉以探讨各种生态因子对柑桔全爪螨及其天敌种群数量动态的作用, 预测柑桔全爪螨种群数量的变化趋势, 模拟效果良好, 对田间防治具有一定的参考价值。

关键词: 柑桔全爪螨, 时间序列分析, 回归模型, 混合回归模型。

种群动态

柑桔全爪螨是我国柑桔园中的一类重要害虫, 有关其生物学特性和种群数量动态国内外许多学者曾经作了大量的研究<sup>[1-3]</sup>, 但这些工作绝大部分是在实验室条件下进行的, 田间工作不多。从1987年4月到1990年10月在上海市长兴岛前卫农场作了为期近4a的田间调查, 积累了一批实验数据, 初步了解了柑桔全爪螨在该地区的发生, 发展动态以及天敌江原钝绥螨对它的控制作用<sup>[4]</sup>。为了更进一步地了解柑桔全爪螨及其天敌江原钝绥螨的数量变化情况, 各种生态因子对它们的影响, 揭示柑桔全爪螨和江原钝绥螨之间的相互关系, 更重要的是为田间实际防治柑桔害虫提供科学指导, 本文对这些数据进行了统计分析和计算机建模工作<sup>[5-7]</sup>。

## 一、调查方法和数据来源

调查地点在上海市郊宝山县长兴岛上的上海市前卫农场柑桔十三队桔园内。时间从1987年4月到1990年10月。选择生态条件基本相同, 但树龄不同的二类柑桔田4块, 分用药田和不用药田2组。每块田中选定调查树10棵, 每棵树固定按东, 西, 南, 北, 中5个方位标记5个枝条, 在每个枝条上任选5张叶片。每年从4月份起到11月底每周调查1次, 从12月起至次年3月底每2周调查1次。每次调查记录叶片上柑桔全爪螨卵, 活动态柑桔全爪螨, 江原钝绥螨和其它种类昆虫的数量。共进行田间调查152次, 获得调查数据30400组。同期的桔园气象资料由长兴岛前卫气象站提供。

## 二、模型的确定

昆虫种群的数量变化是一个非常复杂的过程, 一方面它受到环境中生物和非生物的, 随机或确定的诸因素的影响; 另一方面昆虫本身在长期的进化过程中在种群的数量变化上呈现

\* 本研究得到了岩欽教授、Robert F. Luck教授的指导, 特致谢意。

本文于1991年5月26日收到, 修改稿于1992年2月15日收到。

出一定的变化规律。田间调查的实际数据综合地反应了这些方面作用的结果, 并且形成了一个时间数据序列。

时间序列研究的是那些不同时刻的  $x(t)$ , 它们相互之间既不能由一些唯一地确定另一些, 但又有一定的依赖关系的序列。考察所记录的田间数据资料和有关柑桔全爪螨的生物学特性, 4a 来所获得的调查数据正具有如此特征。因此可以通过时域分析, 从看来是随机变化的现象中找出某些确定性的, 反映不同时刻  $x(t)$  相互关系的规律, 建立参数模型。

用时间序列分析方法建立的参数模型主要有 3 类: 一般回归模型, 自回归模型以及混合回归模型<sup>[8]</sup>。

一般回归模型假定自变量是不同于因变量的非随机量, 所拟合的模型是描述了因变量和其它自变量的统计依赖关系, 这在生态学研究中可以有效地分析各个生态因子和种群数量变动的相互关系, 用此类模型进行预测预报是从自变量中寻找因变量的未来时刻取值的信息。但是这样的预报模型没有利用因变量自身变化的统计规律, 其预报效果不尽理想。

自回归模型只讨论因变量自身的统计依赖关系, 它假定自变量是因变量的延迟函数。这类模型中的有限自回归模型可以有效地描述具有明显周期性变化规律的过程, 如种群的生命周期, 害虫发生的周期性规律描述等等。运用这类模型进行预报是借助于因变量的自身取值变化的统计规律, 由于没有利用其它自变量的统计信息, 对于一些问题的预报效果也并不理想。

混合回归模型是一般回归方法和自回归方法的混合形式, 它将这两种方法结合起来拟合数据序列, 弥补了单纯用上述 2 种方法的不足, 所建模型具有更丰富的统计学内涵, 更符合实际。

本文选用一般回归模型分析方法和混合回归模型分析方法分别研究柑桔全爪螨及其天敌生态系统和柑桔全爪螨种群数量变化的预测预报模型。

### 三、数值计算和结果分析

#### 1. 多元非线性回归模型:

柑桔全爪螨种群在桔园中的数量变动受到环境、天敌以及柑桔生产管理方法等多种因素的影响, 通过对这诸因子的分析, 找出其发生与这些因子之间的相互关系, 可以建立它们的函数关系。

柑桔全爪螨的种群数量  $Y(t)$  可以表示为它与其它生态因子  $X_{i1}, X_{i2}, \dots, X_{in}$  的函数:

$$Y_i = f(X_{i1}, X_{i2}, \dots, X_{in})$$

$i = 1, 2, \dots, m$  柑桔全爪螨各虫态数

$k = 1, 2, \dots, n$  生态因子数

环境温度是柑桔全爪螨的重要生态因子, 它直接影响该螨的能量消耗, 代谢水平, 生长发育, 繁殖和死亡。

降雨过程对雌成螨的产卵行为有一定的影响, 降雨所引起的降温过程会影响该螨的生长发育, 降雨强度直接影响柑桔全爪螨的数量动态。因此, 降雨过程是柑桔全爪螨种群数量变动的不可忽视的生态因子。

田间观察和调查数据显示: 天敌对控制柑桔全爪螨有一定的作用, 特别是江原钝绥螨的

控制作用最为明显。

根据田间调查资料和有关文献报道<sup>[2]</sup>, 定义模型的解释变量如下:

- $x_1$ : 柑桔全爪螨卵/叶
- $x_2$ : 江原钝绥螨/叶
- $x_3$ : 周平均温度
- $x_4$ : 周平均最高温度
- $x_5$ : 周平均最低温度
- $x_6$ : 周平均相对湿度
- $x_7$ : 周总降雨量
- $x_8$ : 柑桔全爪螨发育有效积温
- $x_9$ : 其它捕食性天敌

据此建立柑桔全爪螨种群数量变化的全回归模型:

$$Y = b_0 + \sum b_i X_i$$

结果可以发现, 用这样的方法建立起来的回归模型其效果并不理想, 从统计学角度考察其相关程度不高。从生态学上看, 它并没有真正反映种群数量变化的复杂原因。这是因为各个生态因子对柑桔全爪螨种群数量变化的作用和影响并不是一一对应的简单的因果关系, 也不是各生态因子之间作用效应的线性迭加。同时各生态因子之间还存在着一定的联系, 因此, 把各个生态因子或其组合施行一系列非线性初等函数变换:

1. 指数变换:  $X_i - \exp(a + bX_i)$
2. 对数变换:  $X_i - \log(a + bX_i) \quad a + bX_i \neq 0$
3. 幂函数变换:  $X_i - aX_i^b$
4. 倒数变换:  $X_i - 1/(a + bX_i) \quad a + bX_i \neq 0$

将前述解释变量和经过变换的变量重新组合成一个新的回归变量集, 用逐步回归方法计算得到优化的非线性多元回归模型<sup>[3]</sup>。

用1987, 1988, 1989三年的调查数据建模, 以星期为时间步长。对于缺省值, 用线性插值法补齐。共得到28400组数据, 将直接危害柑桔生长的柑桔全爪螨活动态螨作为此回归模型的因变量, 用药田块和不用药田块2种情况分别计算, 得到如下2个回归模型:

式(1): 不用药田块

$$y = 2.61x_1 - 0.32x_1^2 + 0.014x_1^3 - 2.86\ln(x_1 + 1) + 16.83x_2^2 - 30.13x_2^3 - 0.0029x_5 + 0.004x_7 + 3.013 \times 10^{-7}x_8 + 0.0281$$

$$R-SQ.(ADJ) = 0.9854 \quad F\text{-to-enter} = 2.00 \quad \text{Step} = 15 \quad (1)$$

式(2): 用药田块

$$y = 26.16x_1 - 2.32x_1^2 + 0.09x_1^3 - 64.71\ln(x_1 + 1) - 41.79/(x_1 + 1) + 0.006x_7 + 6.024 \times 10^{-7}x_8 + 41.52$$

$$R-SQ.(ADJ) = 0.7698 \quad F\text{-to-enter} = 2.00 \quad \text{Step} = 11 \quad (2)$$

在逐步回归计算过程中, 因子入选模型的顺序是: 柑桔全爪螨的卵量因子最先进入, 这具有直观的生物学含义。卵量和柑桔全爪螨的发生存在一定的滞后, 可以通过监测这个因子的变化来预测柑桔全爪螨危害的发生。式(1)中接着入选的是天敌江原钝绥螨这个因子, 这

说明在不用药田块江原钝绥螨的捕食作用是影响全爪螨种群数量变动的主要因子, 几年的数据显示: 该捕食螨确能将柑桔全爪螨的虫口密度控制在相当低的密度水平下。式(2)反映不出捕食螨这一因子的作用, 这是因为用药田使用了大量的杀虫药剂, 使得捕食螨种群不易建立, 不能有效地控制柑桔全爪螨的数量。有文献报道: 杀虫剂的过度使用还有可能刺激害螨的发生<sup>[4]</sup>。而用药田往往是柑桔全爪螨虫口密度高, 发展迅速。对这个田块的计算和分析, 得到一些启示, 要加强害虫的综合防治, 注意杀虫药剂的选择使用, 保存天敌种群的必要性。接着选入上述模型的因子是气象因子, 说明温度, 降雨等的作用引起柑桔全爪螨生理过程和行为的变化, 影响到柑桔全爪螨种群的数量变化(见图1)。

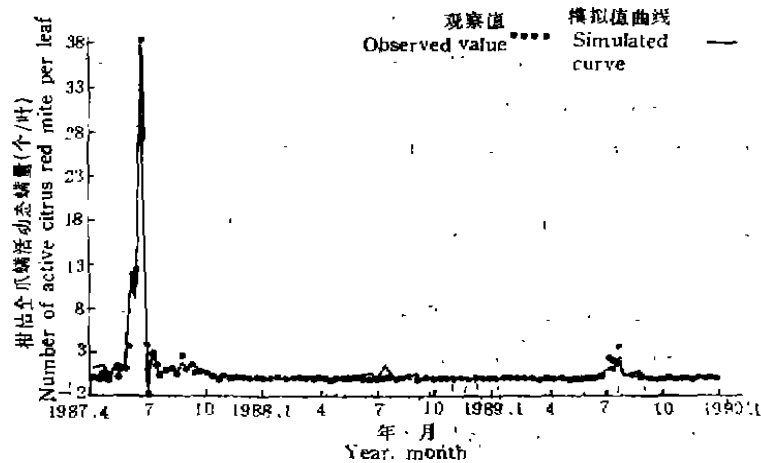


图1 1987—1989年间不用药田柑桔全爪螨种群数量田间观察数据和模拟曲线

Fig.1 The observed value of the citrus red mite population and its simulated curve at unsprayed field during 1987—1989

已建立的模型的分析结果和国内外许多学者通过不同方法研究所得到的结果是一致的, 有意义的是又一次验证了在田间自然条件情况下种群数量变化, 并且为田间实际使用提供了一种实用模型。

模型变量的非线性化处理使得模型更符合于生态学实际, 改善了模型的统计学特性。逐步回归分析保证了模型中只包含那些对生态系统影响最显著的因子, 并且由于剔除了那些影响不甚显著的因子, 使得模型的稳定性提高, 模型的形式简洁, 更符合于田间害虫预测预报的实际使用要求。

这里需要指出的是: 逐步回归分析方法中 $F$ 值的选取相当重要。 $F$ 值过低可能导致变量选择过溢, 难以确保模型中每个变量的作用的显著性和模型的稳定性; 而 $F$ 值过高又可能会使一些确有实际的变量不能选入模型。这就要求在运用该方法建模时一定要兼顾统计学意义和生态意义, 而后者往往是更加重要的。

## 2. 混合回归模型:

田间昆虫种群的数量不仅仅与环境因子(包括天敌因子)等有关, 而且还与其以前一定时期的种群数量即历史值有着一定的关系。常绿植物上世代重迭的昆虫种群数量变化的情况

尤为明显。例如：当年的害虫发生与前年的害虫数量以及其越冬基数有着密切的关系。混合回归模型综合地描述了这种过程，混合回归模型包含了一般回归模型和自回归模型。一般回归模型描述了种群数量和环境因子的关系，自回归模型描述了种群数量和其历史值的之间的关系。

混合回归模型就其混合形式来说可以分为2大类：线性混合回归模型和非线性混合回归模型。考察柑桔全爪螨活动态螨与柑桔全爪螨卵的数量变化关系恰符合一定的线性关系，因此，本文讨论用线性混合回归模型方法建立数学模型。

多元线性混合回归模型的定义如下：

$$z_t = \beta_0^{(0)} + \beta_1^{(0)} z_{t-1} + \beta_2^{(0)} z_{t-2} + \dots + \beta_{p_0}^{(0)} z_{t-p_0} + \beta_1^{(1)} x_{1,t-1} + \beta_2^{(1)} x_{1,t-2} + \dots + \beta_{p_1}^{(1)} x_{1,t-p_1} + \beta_1^{(2)} x_{2,t-1} + \beta_2^{(2)} x_{2,t-2} + \dots + \beta_{p_2}^{(2)} x_{2,t-p_2} + \dots + \beta_1^{(s)} x_{s,t-1} + \beta_2^{(s)} x_{s,t-2} + \dots + \beta_{p_s}^{(s)} x_{s,t-p_s} + \varepsilon_t \tag{3}$$

式中  $x_{1,t}, x_{2,t}, \dots, x_{s,t}$  是随机变量  $X_1, X_2, \dots, X_s$  的数据值，包含有  $s+1$  个随机变量， $\varepsilon_t$  为白噪声。

直接计算(3)式由于被估计的参数太多，拟合的模型稳定性差。用疏系数方法计算可以避免这些缺点。

假定上式中每个随机变量的延迟步数  $p_0, p_1, p_2, \dots, p_s$  都不超过一个最大备选延迟步数  $P$ ，将(3)中的  $p_0, p_1, p_2, \dots, p_s$  都用  $P$  代替，则(4)式就成为疏系数模型：

$$z_t = \beta_0^{(0)} + \beta_1^{(1)} z_{t-1} + \beta_2^{(0)} z_{t-2} + \dots + \beta_P^{(0)} z_{t-P} + \beta_1^{(1)} x_{1,t-1} + \beta_2^{(1)} x_{1,t-2} + \dots + \beta_P^{(1)} x_{1,t-P} + \beta_1^{(2)} x_{2,t-1} + \beta_2^{(2)} x_{2,t-2} + \dots + \beta_P^{(2)} x_{2,t-P} + \dots + \beta_1^{(s)} x_{s,t-1} + \beta_2^{(s)} x_{s,t-2} + \dots + \beta_P^{(s)} x_{s,t-P} + \varepsilon_t \tag{4}$$

其中：  
 $\beta_i^{(0)} \neq 0$  对  $i = i_1^{(0)}, i_2^{(0)}, \dots, i_P^{(0)}$   
 $\beta_i^{(j)} \neq 0$  对  $i = i_1^{(j)}, i_2^{(j)}, \dots, i_P^{(j)}$   $j = 1, 2, 2, \dots, s$

其它系数均为零。

令  $P' = sP + P + 1$  取  $t = P + 1, P + 2, \dots, n$ ，则得到  $n - P$  个等式的缩写形式：

$$\tilde{Z} = \tilde{A}\alpha + \varepsilon \tag{5}$$

式中：

$$Z = \begin{pmatrix} z_{P+1} \\ z_{P+2} \\ \vdots \\ z_n \end{pmatrix} \quad \alpha = \begin{pmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \vdots \\ \beta_{P'} \end{pmatrix} \quad \varepsilon = \begin{pmatrix} \varepsilon_{P+1} \\ \varepsilon_{P+2} \\ \vdots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix}$$

$$\beta_0 = \begin{pmatrix} \beta_0^{(0)} \\ \beta_1^{(0)} \\ \vdots \\ \beta_P^{(0)} \end{pmatrix} \quad \beta_{(i)} = \begin{pmatrix} \beta_0^{(i)} \\ \beta_1^{(i)} \\ \vdots \\ \beta_P^{(i)} \end{pmatrix} \quad i = 1, 2, \dots, s$$

$$A = (A_0, A_1, \dots, A_s)$$

$$A_0 = \begin{pmatrix} z_p & z_{p-1} & \cdots & z_1 \\ z_{p+1} & z_p & \cdots & z_2 \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ z_{n-1} & z_{n-2} & \cdots & z_{n-p} \end{pmatrix} \quad A_i = \begin{pmatrix} X_{i,p} & X_{i,p-1} & \cdots & X_{i,1} \\ X_{i,p+1} & X_{i,p} & \cdots & X_{i,2} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ X_{i,n-1} & X_{i,n-2} & \cdots & X_{i,n-p} \end{pmatrix}$$

$a$  为  $sP + P + 1$  维参数矢量。

$A$  为  $(n - p) \times (sP + P + 1)$  阶矩阵,  $a_{ij}$  表示  $A$  的第  $i$  行第  $j$  列元素。

又令  $P' = sP + P + 1$ ,  $a = (a_1, a_2, \dots, a_{P'})$ , 记  $z'_t = z_{t+P}$ ,  $e'_t e_{t-P}$ , 则得到 (5) 式的分量形式为:

$$z'_t = a_1 a_{1,t} + a_2 a_{2,t} + \cdots + a_{P'} a_{P',t} + e'_t \quad t = 1, 2, \dots, n - p' \quad (6)$$

Akaike (1973) 在研究自回归模型的定阶问题时提出了所谓的 AIC 准则方法 (Akaike Information Criterion) [8]。这一方法现在被广泛地引用到回归变量的选择中来, 并且针对不同的模型形式改进了不同的 AIC 准则方法。AIC 准则方法及其改进形式对回归模型的选元和拟合是通过定义一个 AIC 准则函数和用最小二乘法计算从备选自变量中选择模型的自变量并估计模型的系数。限于篇幅, 关于这一方法的详细说明和数学推导请见文章后所列文献 [8, 10], 本文不再赘述。

用疏系数方法拟合混合回归模型是运用 AIC<sub>2</sub> 准则方法, 从 (4) 式中  $P' = sP + P + 1$  个备选自变量中选择拟合模型的部分自变量  $x_{1,t-p}$  和  $z_{t-p}$  和相应的系数  $\beta_j^{(1)}$ 。

用 AIC<sub>2</sub> 准则方法选出 (6) 式中  $P'$  个备选自变量中非零元素  $a_i$  的下标估计。

根据式 (4), (5), (6) 的定义, 可以给出前面的下标  $i_1^{(j)}$  ( $j = 0, 1, \dots, s$ ,  $1 = 1, 2, \dots, P_j$ ) 的估计

$$a_i = \beta_j^{(0)}, \quad i = 1, 2, \dots, P + 1$$

所以如果由 AIC<sub>2</sub> 准则给出的非零  $a_i$  的下标估计为  $\hat{i}_1, \hat{i}_2, \dots, \hat{i}_k$  的话, 那么所有满足  $\hat{i}_k \leq P + 1$  的下标就是对  $i_1^{(0)}, i_2^{(0)}, \dots, i_{P'}^{(0)}$  的估计。

类似地, 所有满足  $P + 1 < \hat{i}_k \leq 2P + 1$  的下标就是对  $i_1^{(1)}, i_2^{(1)}, \dots, i_{P'}^{(1)}$  的估计。类推得, 所有满足:

$$jP + 1 < \hat{i}_k \leq (j + 1)P + 1$$

的下标就是对  $i_1^{(j)}, i_2^{(j)}, \dots, i_{P'}^{(j)}$  的估计。

结合 AIC<sub>2</sub> 准则方法的计算中给出的 (6) 式中  $\hat{a}_{i_k}$  的最小二乘估计值, 利用  $\hat{i}_k$  与  $i_1^{(j)}$  的估计的对应关系便得到了相应的诸  $\beta_j^{(1)}$  的非零元素的估计值, 模型系数一经确定, 则模型即已建立。

用 MS-FORTRAN77 将上述算法编成程序, 用以计算模型参数及建立混合回归模型。本程序可以选择多元数组作为自变量, 程序允许的最大延迟步数为 40。(程序从略)

用 1987, 1988, 1989 年 3 a 的不用药田块田间调查数据拟合式 (4)。记柑桔全爪螨的动态螨数据序列和卵量数据序列分别为  $\{x_2\}$  和  $\{x_1\}$ , 以  $\{x_2\}$  为因变量,  $\{x_1\}$  作为自变量, 这里  $s = 1$ , 计算二维线性混合回归模型, 从生态学的实际背景出发, 选择最大延迟步数。在这里选择最大延迟步数为 8。

因为原始数据序列并非平稳, 需要对其作一步差分使之平稳化。即设:

$$z_k = x_k - x_{k-1} \quad k = 1, 2, \dots \quad (7)$$

得经差分后的数据序列  $\{z_1\}$  和  $\{z_2\}$ , 运行程序计算序列  $\{z_1\}$  和  $\{z_2\}$ , 得线性混合回归模型:

$$z_{i,2} = 0.0026 - 0.6956z_{i-3,2} - 0.4301z_{i-1,2} + 0.4204z_{i-1,1} + 0.3368z_{i-3,1} - 0.1868z_{i-2,1} + \varepsilon_i \quad (8)$$

将(7)式代入(8)式, 得到  $x_{i,2}$  的拟合模型:

$$x_{i,2} = 0.0026 + 0.4204x_{i-1,1} - 0.6072x_{i-2,1} + 0.5236x_{i-3,1} - 0.3368x_{i-4,1} + 0.5699x_{i-1,2} + 0.4301x_{i-2,2} - 0.6956x_{i-3,2} + 0.6956x_{i-4,2} + \varepsilon_i \quad (9)$$

$x_{i,2}$  的预报值由下式递推得:

$$x_{i,2} = 0.0026 + 0.4204x_{i-1,1} - 0.6072x_{i-2,1} + 0.5236x_{i-3,1} - 0.3368x_{i-4,1} + 0.5699x_{i-1,2} + 0.4301x_{i-2,2} - 0.6956x_{i-3,2} + 0.6956x_{i-4,2} + \varepsilon_i \quad (10)$$

用得到的模型的预报式(10)式对1990年不用药田块田间桔全爪螨种群数量动态作一步(提前一周)预报, 结果和实际调查值吻合良好, 相关系数达到0.9033。

图2是用预报式(10)式所作的预报值曲线和田间实际调查值曲线。

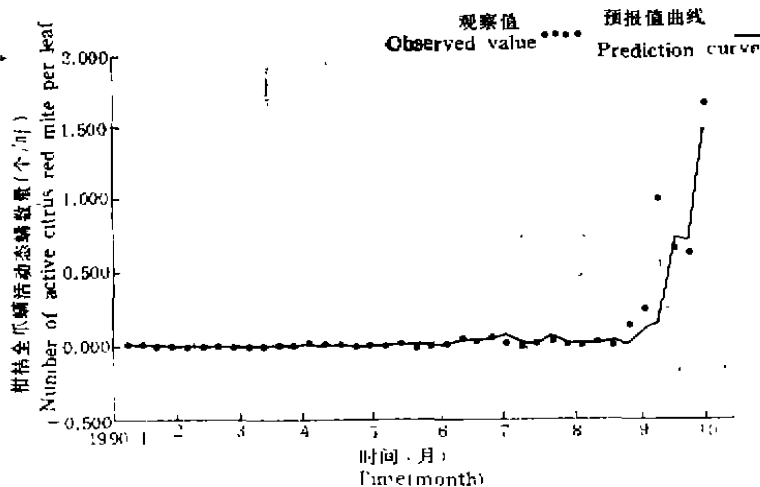


图2 1990年柑桔全爪螨种群数量田间观察数据和预报曲线

Fig.2 The observed value of the citrus red mite population and its prediction curve in 1990

#### 四、讨 论

本文介绍的统计模型从宏观角度研究柑桔全爪螨的种群动态, 在一定程度上真实反映了昆虫种群的数量变化过程, 取得了比较满意的结果。

一般回归模型, 自回归模型都属于时间序列分析方法的范畴, 混合回归模型是在其基础上发展起来的一种新方法, 它完善了前面两种模型的形式, 使得所建立的模型更加真实, 预报更加准确, 也更加符合生态学的实际。

时间序列分析方法的内容非常广泛, 生态学工作者可以根据不同的研究对象和研究目的

充分选择适合问题的模型。然而, 时间序列分析法建模对数据的要求很严格, 如对时间序列的长度, 采样频率, 数据的平稳性等。因此, 在实验设计时要予以充分的考虑。

动物生态系统是一个非常复杂的系统, 种群动态模拟还应该同时考虑动植物之间的相互关系。

### 参 考 文 献

- [1] 朱文炳等, 桔全爪螨(*Panonychus citri*·McG)种群动态的系统分析及其模拟, 西南农学院学报, 1985 7(3): 2—21.
- [2] 贺亦斌等, 桔全爪螨自然种群动态模拟, 柑桔害虫综合治理论文集, 学术书刊出版社, 1980, 1—14.
- [3] Luck, R. F. Morse J. G., Current status of integrated pest management in California citrus-groves. Proceedings of the Experts' Meeting, Acireale, 1986, 533—543.
- [4] 罗志义等, 长兴岛桔园全爪螨和江原钝绥螨种群动态以及杀虫剂对它们的影响, 昆虫学研究集刊, 第八集, 1988, 33—42.
- [5] 丁岩钦, 《昆虫种群生态学原理与应用》, 科学出版社, 1980, 214—321.
- [6] 徐汝梅, 《昆虫种群生态学》, 北京师范大学出版社, 1986, 216—257.
- [7] Tummala, R. L. et al. (eds). Modelling for the Pest Management: Concepts, Techniques and Applications, Michigan State University, East Lansing, Michigan, 1976, 247.
- [8] 安鸿志、顾 岚, 《统计模型与预报方法》气象出版社, 1986, 116—130.
- [9] 方开泰, 《实用多元统计分析》, 华东师范大学出版社, 1986, 142—175.
- [10] 杨位钦、顾 岚, 《时间序列分析与动态数据建模(修订本)》, 北京理工大学出版社, 1988, 348—374.

## THE SIMULATION MODELS FOR THE POPULATION DYNAMICS OF CITRUS RED MITE

Zhou Jian-Zhong Luo Zhi-Yi

(Shanghai Institute of Entomology, Academia Sinica, 200025)

This paper dealt with the population dynamics of citrus red mite *Penonychus citri* McG and its predator *Amblyseius eharai* at Qianwei orchard in Changxing island, Shanghai.

To study the ecological factors affecting the population dynamics of the citrus red mite and in turn to forecast the trend of population dynamics, a non-linear multiple regressive model and a mixed regressive model were created, respectively, by using the time series analysis methods.

The results showed that the field investigation data were fitted by the models properly.

**Key words:** *Penonychus citris* McG., time series analysis, non-linear multiple regressive model, mixed regressive model,