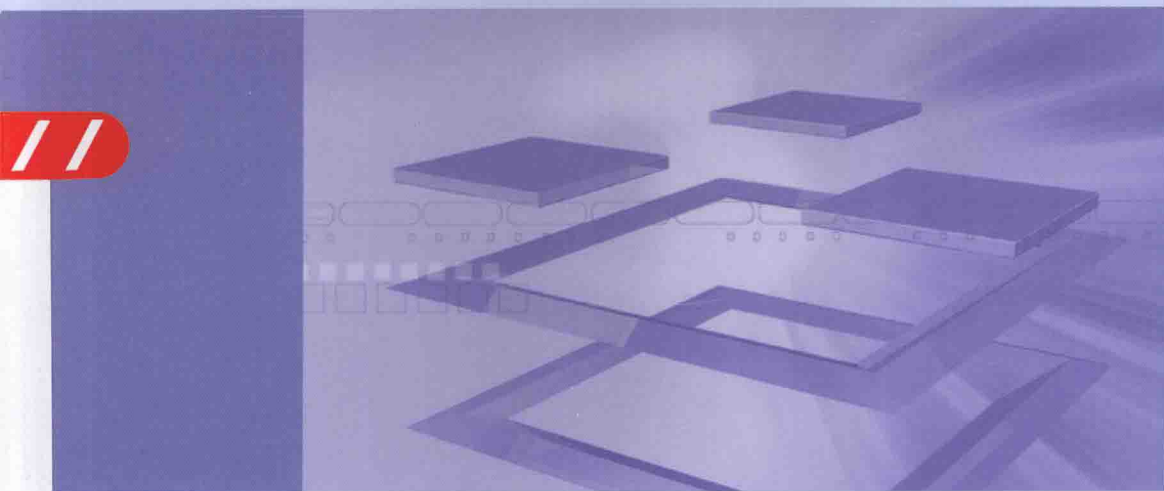


生物启发的 智慧路由机制与协议

张明川 郑瑞娟 吴庆涛 著



科学出版社

生物启发的智慧路由机制与协议

张明川 郑瑞娟 吴庆涛 著



科学出版社

北京

内 容 简 介

本书在归纳分析国内外关于智慧路由相关研究的基础上,利用蚁群、蜂群、粒子群、绒泡菌等生物启发方法研究智慧路由机制与协议,主要包括:在蚁群算法中引入感知技术,提出感知蚁群的智慧路由模型;基于绒泡菌形体自我调节的特性,提出绒泡菌启发的智慧路由模型;利用蜂群的觅食行为,提出蜂群智慧路由模型;结合多种生物启发方法,提出多生物启发的智慧模型;结合网络环境的多变性,提出协议与网络适配的路由机制;讨论生物启发路由在未来网络中的应用。

本书可以作为计算机科学与技术、信息与通信工程专业硕士研究生、博士研究生的专业课教材,也可作为从事计算机网络、无线通信、物联网等研究领域科技人员的参考书。

图书在版编目(CIP)数据

生物启发的智慧路由机制与协议 / 张明川,郑瑞娟,吴庆涛著. —北京:科学出版社,2015. 10

ISBN 978-7-03-044792-0

I. ①生… II. ①张…②郑…③吴… III. ①计算机网络-路由协议-研究 IV. ①TN915. 04

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2015)第 123760 号

责任编辑:孙伯元 / 责任校对:张小霞

责任印制:张 倩 / 封面设计:蓝正设计

科学出版社 出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码:100717

<http://www.sciencep.com>

新科印刷有限公司 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2015 年 10 月第 一 版 开本:720×1000 1/16

2015 年 10 月第一次印刷 印张:15 1/2

字数:298 000

定价:90.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换)

前 言

互联网络自出现至今经过几十年的发展,不断影响着人们的生活、工作和学习,并成为各行各业不可或缺的一部分。信息技术在各行业中的广泛部署和应用,提高了人们的工作效率,改变了人们的工作方式,推动了社会的发展。近年来,随着网络技术的不断发展和网络设备的不断更新,多种异构网络并存成为信息网络的重要特征。当前常见的信息网络类型包括有线网络、无线 Mesh 网络、无线传感网络、移动 Ad hoc 网络、车载 Ad hoc 网络等。在这种多种异构网络并存的环境下,当网络设备接入不同异构网络时,由于路由协议不能适应多种异构网络,会造成路由传输效率低下,严重影响网络性能。

此外,随着应用类型的不断增加和信息量的急剧膨胀,互联网络已经在数据安全、传输效率等方面暴露出诸多问题。例如,据 IDC 研究报告,互联网 2011 年的信息量达到 1.8ZB,是 2006 年信息量的 9 倍;而美国普林斯顿大学研究人员在 2010 年 ACM SIGCOMM 国际会议上指出,现有网络的骨干网链路利用率仅为 30% ~ 40%;西班牙电信的研究人员在 2011 年 ACM SIGCOMM 国际会议上指出,现有网络的接入网链路利用率不到 10%。

为解决这些问题,国内外多数研究者致力于将网络向智慧化方向发展,并且将智慧路由作为一项重要的研究内容。可见,智慧路由技术的研究具有重要的理论与实践意义。

(1) 智慧路由是未来信息网络的一个重要研究领域。随着网络中新型应用模式的不断涌现,互联网在数据安全、访问效率等方面已暴露出诸多问题,需要不断升级安全防护程序、网络带宽及主机配置等资源,以满足广大用户的应用需求。路由协议的智慧化是解决现有信息网络高速、高效通信的基础,近年来受到世界各国的广泛关注。因此,智慧路由是未来网络的一个重要研究领域,对解决现有网络的通信效率问题具有重大指导意义。

(2) 智慧路由研究符合未来信息网络的发展需求。未来互联网发展的主要目标是实现对信息灵活、动态、智慧、高效的访问。智慧路由研究的目的是形成一套智慧的路由机制与协议,从根本上支持网络路由的智慧化,这对未来网络路由的发展具有重要的借鉴意义。

本书基于当前路由机制与协议的研究成果,受生物系统启发,在智慧路由理论与方法研究中取得了以下成果。

(1)面向多种网络环境的智慧路由协议。多种异构网络并存已经成为当前信息网络的重要特征。然而,由于不同网络的特征不同,一种路由协议难以适应多种网络。本书针对不同网络的特征,提出多种生物启发的智慧路由模型(包括蚁群、蜂群、绒泡菌等模型),以适应不同的网络环境。

(2)协议与网络的智慧适配模型。在异构网络环境下,当同一个网络设备由于各种原因进入不同异构网络时,其路由协议需要适应网络的变化。本书的编写受控制与数据分离思想启发,根据网络状态的特征信息适配相应的路由协议。经过与网络适配的智慧路由协议能够高效率地满足相应网络下的通信需求,提高网络性能。

(3)生物启发算法在未来智慧协同网络中的应用。目前,针对现有互联网体系的路由技术已经比较成熟。然而,随着互联网中应用类型的不断增加,信息量急剧膨胀,基于 TCP/IP 的现有互联网在数据安全、访问效率等方面已暴露出诸多问题。智慧协同网络是一种新型网络体系,它能够根据用户的需求,实现资源的动态适配。在资源动态适配的前提下,基于 Physarum 觅食模型构建的支持资源动态适配的可重构路由协议,不仅考虑某个具体传输任务,而且考虑族群内所有的资源和任务匹配,选择最合理的方案完成族群内的任务,满足资源动态适配网络路由协议的智慧性需求。

本书得到国家自然科学基金(U1404611, U1204614)和中国博士后科学基金(2015M570028)的资助,由河南科技大学的张明川副教授、郑瑞娟副教授和吴庆涛教授共同撰写完成。其中,张明川副教授完成了 20.5 万字,郑瑞娟副教授完成了 8.2 万字,吴庆涛教授完成了 1.1 万字。本书在撰写过程中得到了河南科技大学的普杰信教授、赵海霞副教授、白秀玲副教授、魏汪洋博士,以及河南科技大学云计算信息安全实验室的李颖、樊占东、陈京等研究生的支持与帮助,在这里一并表示感谢。

目 录

前言

第1章 绪论	1
1.1 生物信息学	3
1.2 系统生物学	5
1.3 生物启发技术	9
1.4 自律计算理论	10
1.4.1 自律计算的起源及概念	10
1.4.2 自律计算概念模型	13
1.4.3 自律计算的现状	14
1.5 路由器技术发展趋势	16
1.5.1 路由器技术体系演进	16
1.5.2 路由器发展的二元推动	18
1.5.3 设计理念的革命	19
1.5.4 路由器的发展趋势	20
1.5.5 核心路由器、高端路由器和中低端路由器的发展趋势	23
1.6 路由技术研究现状	24
1.6.1 路由体系的研究现状	24
1.6.2 无线路由协议的研究现状	26
1.7 本章小结	30
参考文献	30
第2章 传统生物启发路由方法	38
2.1 蚁群算法路由方法	38
2.1.1 网络模型及路由表结构	39
2.1.2 蚁群算法基本原理	40
2.1.3 基本蚁群算法分析	41
2.1.4 改进蚁群算法	44
2.2 蜂群算法路由方法	47

2.2.1	蜂群算法基本原理	47
2.2.2	蜂群算法描述	48
2.2.3	蜂群算法具体思想	49
2.2.4	改进后的蜂群算法	51
2.2.5	蜂群算法存在的问题及展望	52
2.3	粒子群算法路由方法	54
2.3.1	粒子群算法原理	55
2.3.2	基于粒子群算法的路由算法	57
2.3.3	粒子群算法的特点及其应用	58
2.3.4	粒子群算法的路由优化	58
2.4	遗传算法路由方法	59
2.4.1	遗传算法基本原理	60
2.4.2	遗传算法基本步骤	60
2.4.3	改进的遗传算法	61
2.4.4	遗传算法的优缺点	63
2.5	其他生物方法路由	64
2.6	本章小结	64
	参考文献	65
第3章	感知蚁群智慧路由模型	69
3.1	引言	69
3.1.1	问题的提出	69
3.1.2	国内外研究现状	71
3.2	基于感知蚂蚁的路由发现算法	73
3.2.1	典型场景模型	73
3.2.2	基于感知蚂蚁的全局路径感知	74
3.2.3	基于感知蚂蚁的路径发现过程	78
3.3	Physarum 启发的路由决策模型	78
3.4	基于 PACO 和 P-iRD 的混合路由协议	80
3.4.1	B-iHRP 的数据结构	80
3.4.2	域内路由发现	81
3.4.3	域外路由发现	82
3.4.4	路由维护	84

3.4.5 路由优化	84
3.5 B-iHRP 的平均时延分析	85
3.6 仿真实验	91
3.7 本章小结	98
参考文献	98
第4章 绒泡菌智慧路由模型	101
4.1 引言	101
4.1.1 问题的提出	101
4.1.2 国内外研究现状	103
4.2 PPFO 模型	106
4.3 Physarum 启发的路由协议	108
4.3.1 典型场景模型	108
4.3.2 P-iNHS 模型	110
4.3.3 P-iRP	112
4.3.4 P-iRP 算法	114
4.3.5 P-iRP 算法复杂度	116
4.4 P-iNHS 模型分析	117
4.5 仿真实验	120
4.5.1 拓扑环境和参数设置	120
4.5.2 性能分析	121
4.6 本章小结	127
参考文献	127
第5章 蜂群智慧路由模型	130
5.1 引言	130
5.2 蜂群算法研究背景	130
5.3 无线传感网 QoS 组播路由评价模型	131
5.3.1 相关概念	131
5.3.2 QoS 路由评价模型及度量	134
5.4 多约束蜂群组播路由发现机制	136
5.4.1 QoS 蜂群算法简述	136
5.4.2 系统模型	140
5.4.3 算法描述	145

5.5 本章小结	151
参考文献	151
第6章 多生物启发的路由模型	153
6.1 引言	153
6.1.1 问题的提出	153
6.1.2 国内外研究现状	154
6.1.3 典型场景模型	155
6.2 基于免疫原理的节点可信度评价算法	156
6.2.1 基本描述	156
6.2.2 抗原递呈	157
6.2.3 抗体的生灭过程	158
6.2.4 抗体进化	159
6.2.5 可信度评价	160
6.3 路由发现与路由选择	161
6.3.1 路径感知	161
6.3.2 路由发现	162
6.3.3 路由选择	163
6.4 B-iTRP	163
6.4.1 B-iTRP 的数据结构	164
6.4.2 可信度评价	165
6.4.3 路由策略	166
6.4.4 B-iTRP 讨论	167
6.5 仿真实验	168
6.6 本章小结	174
参考文献	175
第7章 协议与网络适配的智慧路由机制	178
7.1 引言	178
7.2 协议与网络的智慧适配模型	179
7.2.1 面向协议与网络适配的逻辑架构	179
7.2.2 网络的分级决策与预测	180
7.2.3 协议与网络的适配模型	181
7.3 网络特征的协同感知	182

7.3.1	网络特征参数的选择	182
7.3.2	感知特征信息的采集	183
7.3.3	感知特征参数的归一化	189
7.3.4	感知信息传输的同步	191
7.4	基于 HMM 的网络预测	192
7.5	本章小结	196
	参考文献	196
第 8 章	生物启发路由在传统网络中的应用	199
8.1	生物启发路由与传统网络结合需要解决的问题	199
8.1.1	遗传算法	199
8.1.2	蚁群算法	200
8.1.3	粒子群算法	201
8.1.4	蜂群算法	201
8.2	基于遗传算法的 QoS 组播路由问题	202
8.2.1	编码方法	202
8.2.2	生产初始种群	202
8.2.3	评价函数设计	203
8.2.4	交叉	203
8.2.5	选择复制	204
8.2.6	变异	204
8.3	蚁群算法在 QoS 组播路由中的应用	204
8.4	粒子群算法在 QoS 组播路由中的应用	206
8.4.1	问题描述	206
8.4.2	算法实现	207
8.5	蜂群算法在 QoS 组播路由中的应用	208
8.5.1	算法思想	208
8.5.2	算法实现	208
8.6	本章小结	209
	参考文献	209
第 9 章	生物启发路由在未来网络中的应用	211
9.1	引言	211
9.1.1	问题的提出	211

9.1.2 国内外研究现状	212
9.2 信息中心网络	213
9.2.1 ICN 的分类	213
9.2.2 ICN 的特征	214
9.2.3 ICN 关键技术	215
9.2.4 ICN 发展趋势	218
9.3 智慧协同网络	219
9.4 支持资源动态适配的可重构路由算法	221
9.4.1 基于 PPFO 模型的自适应模型	221
9.4.2 智慧协同网络的自适应与可重构路由算法	222
9.5 协议分析	224
9.6 原型验证	225
9.6.1 原型系统介绍	225
9.6.2 采用自适应路由效果	227
9.6.3 采用 OSPF 路由效果	230
9.6.4 测试结果对比	231
9.7 本章小结	233
参考文献	233
第 10 章 智慧路由的发展	236

第 1 章 绪 论

生物依赖环境的同时也改变着环境,人们很早就意识到了这种相互依赖、彼此依存的紧密关系。伴随着科学技术的发展,人们对于生物与环境之间复杂关系的研究逐步形成了生态学。尽管关于什么是生态学,不同时期的学者给出的定义不尽相同,但已有的定义差别不大,通常可以概括为:生态学是研究生物与环境及其相互作用的科学^[1]。近几十年来,生态学的研究得到快速发展,与生态学相联系的一系列边缘学科相继产生,如生物化学、生物物理和生物经济学等。

基于生态学,文献[2]提出了关于单调控制系统这一新兴领域的机遇与挑战,主要包括以下几方面。

(1)生物测量与操纵控制和信号处理技术的核心内容主要集中在仪器设置方向。

(2)生物研究的启发理论在控制工程领域的抽象与应用。近年来在基因研究方面所取得的成果,不断为系统提供更为详细的启发知识。传统的单调控制技术只能应用于自治动力系统,从某种意义上说,这种限制阻止了研究互联结构的可能性,特别是当研究的角度从组织严密的描述方法转换到相对分散的分析方法时,该局限性表现得更加明显。但同时,需要分解的高度复杂系统所拥有的细小分子是具有清晰特性的,这种转换也是必然的。粗略地说,系统流的初始条件或进入该系统的外来信号具有单调特性,那么该系统都将是单调的。满足该要求的模型经常应用于多种不同领域,如分子生物学、生态学、经济学、化学等。

单调控制系统在生物中的应用尤为明显。近年来,生态学受到了越来越多的关注,而其中一个重点就是物种的共存问题。即不同物种之间最基本的生存关系分为竞争关系、捕食-食饵关系、互惠关系等,但同时,许多物种之间的关系并不是单一不变的,而是相对更加复杂和动态。

在研究多数复杂系统时,一般都会作出假定,即大量的简单元素通过大量汇聚与交互来表现系统的复杂行为。因为在多数情况下,系统的元素是均一而简单的。而生物系统由大量的细胞、蛋白质以及基因组成,这些元素或成分无法用均一的或简单的概念予以描述和实现^[3]。由此,生物系统的主要特征可以归纳为以下四点。

(1)元素的独特性。从遗传学的角度来看,生物系统由成千上万个基因组成,

每一个基因具有不同的调控关系,而每一个基因的表达产物具有不同的功能。因此,生物系统不能看做由多个均一成分组成的系统,同时,系统行为也无法简单地用均值行为来近似表达。

(2)元素的复杂性。系统每一个元素均具有其本身的复杂性。每一个基因都包含一个复杂的调控结构,而其转录产物主要包括自身的复杂结构和动力学行为。每一种蛋白质结构与功能各不相同,且蛋白质彼此之间存在多种相互关联的关系。

(3)元素之间相互作用的选择性。系统元素之间的相互作用具有高度选择性。基因与基因之间的调控作用具有高度特异性,同时,蛋白质之间的相互作用也是高度特异的。

(4)元素之间相互作用的网络化。系统元素之间的相互作用形成了高度复杂的生物化学网络。代谢作为最基本的生化反应网络,通过产生能量来驱动各种细胞的变化过程,从而降解并合成了许多不同的分子。代谢网络也被称为酶分子(蛋白质分子)网络。同时,系统内部还存在蛋白质网络和基因调控网络。

通常情况下,生物系统的相互作用不仅表现在系统之间的相互作用上,其本身也要受到外界因素的影响,这种受到外界因素影响的表现称为随机力^[4]。而随机力会破坏系统的有序性,因此系统的有序和无序的竞争会表现出复杂的行为。值得注意的是,随机力并非只能起到消极作用。在生物非线性系统的分岔点附近,通过生物系统与随机力的作用,无序的能量可能转化为有序的动力,从而促进系统新秩序的建立。近年来讨论的噪声诱导相变、随机共振、相干共振、分子马达运动、改变基因遗传选择平衡、选择性控制细胞生长等一系列现象就属于典型的噪声对生物系统正面作用的例子。

生物系统本身就是一个自组织的进化系统,在生物与环境的交流和相互作用下,生物利用自身的冗余结构和冗余补充,使整个系统始终朝着有利于生物发展的方向进化。文献[5]采用 Type-2 模糊系统建立了生物群落冗余结构的数学模型,提出了生物群落稳定性的度量方法,研究了生物群落冗余结构与生物进化可靠性和稳定性的关系。

当前,网络应用日益呈现出高性能、大规模、多样性需求,用户对 Internet 提出了更高的分布式要求,需要以用户为中心的网络具有自扩充性、可移动性、可生存性、简单易操作性以及随着用户和网络环境的长期和短期变化而具备的自适应性等特点,因此,对于网络应用的开发设计者和相关领域的研究人员来讲,有必要进一步优化 Internet 体系结构,并开发设计其应用。生物信息系统作为一个分布式自治系统,其运行机制能够为多个科学和工程领域提供富有成效的技术和方法,如人

类社会、蜂群、生物免疫系统等大规模系统已形成许多重要的原理和机理,可用以启发人们采用科学方法和工程技术策略满足未来 Internet 的发展需求。

探寻系统生物学和生物信息学的运作机制和工作原理,已成为研究生物启发理论的基础与首要任务。

1.1 生物信息学

生物信息学是生物学与信息科学、数学、计算机科学等学科相互交叉而形成的一门新兴学科。生物信息学依据一些描述和模拟复杂生物系统的数据库、计算机网络及应用软件,在各种技术平台(如大规模 DNA 测序、RNA 和蛋白质组研究)产生海量数据的基础上,整合运用数学、计算机科学和生物学的各种工具,通过对生物学实验数据的获取、处理、存储、检索与分析,来阐明和理解大量数据所包含的生物学意义。目前生物信息学技术在人类疾病与功能基因的发现与识别、基因与蛋白质的表达与功能研究方面都发挥着关键作用,已成为系统生物学发展的一个强有力的工具^[6]。

随着各类生物数据的加速增长和积累,计算生物学应运而生。计算生物学以现代分子生物学数据作为主要研究对象,运用理论模型和数值计算研究生命科学(基因序列信息分析、基因预测、分子进化及分子系统学等重要问题),揭示以基因组信息结构为主的生物复杂性,以及生长、发育、遗传、进化等生命现象的根本规律。计算生物学的主要研究方法是用数学语言定量描述和预测生物学功能、生物体表型及行为,包括多元统计分析方法、随机过程模型、机器学习等方法。其主要作用包括:①通过对大量数据的处理来分析生物系统的特性和行为;②解析和定义生物系统的功能和结构层次。

计算系统生物学(computational system biology)突出生物信息学等学科“计算”的作用,强调“计算与实验”的交融,成为切入探索生命系统性、复杂性的重要途径,并迅速成为系统生物学领域的新前沿,其主要研究目的是分析生物系统中实体的行为,并揭示实体间的相互关系。系统生物学以整体性研究为特征,以生物信息学为研究生物系统组成成分的重要方法,并促使医学、生命科学研究朝可预测、可预防、个体化的医学目标发展。目前该领域主要包含两方面的工作:一方面是从海量实验数据中建立模式,进行知识发现;另一方面是基于仿真的系统分析,它强调根据实验获取的数据对生物系统建立定量模型,并在时间轴对系统行为演化进行外推。作为理论研究和实验研究之外的第三种认识和改造世界的方法,建模与仿

真是系统生物学中联系计算与实验这一理念的主要纽带^[7],其主要作用包括:一方面,以行之有效的建模方法学对高通量测试结果数据进行描述,在不同层次、不同尺度上定义复杂生物系统的组成与功能;另一方面,通过仿真方法,在可接受的时间内对含有虚拟实验假设的系统特征与行为进行分析。我国学者也对系统生物学中的建模与仿真研究给予了极大的关注,大规模计算系统生物学仿真不断增长的计算需求,使得基于高性能计算机的并行仿真成为这类仿真发展的重要趋势。目前,实现高性能的主要手段是并行,并行仿真方法的研究对高性能计算系统生物学的发展非常重要。

复杂生态系统中很多重要的生态学理论问题都是以生态位和生物群落概念为基础的,生态位概念已遍及整个生态学科,成为生态系统理论研究和实际应用中的重要问题,其理论在种间关系、群落结构、物种多样性及种群进化等方面获得了广泛应用。生态位和生物群落及其相关概念的量化和模型化是生态系统的根本问题。因此,生态系统建模对生态系统的非线性分析、仿真和量化工作具有重要意义。

生态学和种群动力学本质上是非线性的和整体的,在同一系统中,不同生物和不同种群之间彼此无法分开,它们之间存在复杂的非线性关系,并且与环境构成一个整体。生物系统的进化与发展显现出高度的非线性,它使生物体更容易适应环境的变化,而更强的适应性正是更高的进化程度的表现,而且越来越高的复杂性是生物演化的一个标志。因此,对生态系统非线性、同步进化机制和生物进化的衡量尺度的研究,有助于进一步认识生物系统的发展。

混沌系统的同步可以看做一个大系统内部各个子系统之间的协同机制,正如生物系统中各个种群之间的竞争协同^[8]。从这个意义上讲,生态系统的混沌现象是客观存在的,同步是生物系统的内在机制。因此,非线性动力学方法成为研究生态系统的重要工具。生物进化在复杂的环境下进行,可以看出,生物始终朝着有利于自身发展的方向进化,并始终与环境交流,缩小与环境的差异,形成具有自适应性、稳定的生物种群。在研究复杂工程系统的过程中,由于其所处的动力学环境、巨大的能量、机构的复杂性等各种因素,潜伏的故障将导致不可估计的经济损失和人员伤亡。因此,将生物系统的非线性进化特性、自适应性、容错性和稳定性与控制方法和故障诊断结合,形成具有生物特性容错控制方法和故障诊断方法,可以使系统故障最小化。容错控制(fault tolerant control, FTC)的思想起源于1971年,以Niederlinski提出完整性控制的新概念为标志,是一门新兴交叉学科,它与鲁棒控制、故障检测与诊断、自适应控制、智能控制等有着密切联系,是伴随解析冗余的故

障诊断技术的发展而发展起来的。

复杂系统(complexity system)是指由一些相对简单的个体部件基于相互之间错综复杂的作用而形成的一个统一而复杂的整体。复杂系统涵盖内容极广,几乎无处不在,包括经济系统、社会系统、工程系统和生物系统等。研究复杂系统的学科称为复杂性科学(complexity science)。生物系统作为一个复杂系统,是自然界物理、化学和生物组分的有机组合系统。生物系统除具有上述几个关于复杂系统所共有的特点以外,还有一些其他系统所不具备的特点。生物种类繁多,数量庞大,生命现象错综复杂,所以生物复杂系统(bio-complexity system)足以被誉为“复杂巨系统”,是所有复杂系统中复杂性最大的一类。人们普遍认为,生物系统的复杂性和非生物系统的复杂性是两类不同的复杂性,前者的复杂程度比后者要大得多,而且不同生物系统的复杂性具有三个特点:①在复制生物结构的过程中展现出生长性、自组织性和自适应性;②具有无双性,这导致不同层次、不同类群甚至不同个体生物的复杂性,显示出很强的独特性,这是在生物领域应用数学方法的一个难点;③生物系统复杂程度的巨大性,这也使得生物系统的复杂性难以量化。在生物系统中存在植物和动物的相互作用以及环境的代谢作用,因此,对复杂生物系统可以从质和量、绝对性与相对性、存在和演化、空间和时间等多角度进行描述,重点从三方面进行把握^[9]:①系统内部各要素之间的相互作用;②同等系统之间的相互作用;③低等级系统与高等级系统之间的跨层次相互作用。

1.2 系统生物学

人们对生物体系统的研究多采用还原论法,完成对系统单个组成元素的独立分析与研究。到目前为止,还原论的研究已经取得了大量成就,其成果在细胞甚至分子层次都对生物体具有较深入的了解,但遗憾的是,相关成果对生物体的整体行为难以给出系统、全面的解释^[10]。目前,生物科学还停留在科学实验阶段,尚未形成一套完善的理论来描述生物体如何在整体上实现其功能行为。对子系统的研究成果互相割裂地罗列在一起,人们迫切需要将它们组合起来进行整体研究,从中发掘更多信息,以期能够从宏观上深刻理解生物体系统的运行规律。近年来,生物技术的迅速发展,如蛋白质芯片技术、DNA 微阵列技术,使得高通量地定量测定生物大分子成为可能,而且计算机网络技术日新月异的发展也在很大程度上促进了各类科学研究所产生的生物数据库之间的资源共享,这就为生物学理论的建立提供了大量的可用数据,使得理论的建立与检验成为可能。此外,人类基因组计划的完

成在提供大量数据的同时,也宣告了全面挖掘人体系统机理的时代已经到来。正是在这种背景之下,系统生物学应运而生。

随着“后基因组”时代的来临,海量生物数据不断产生。生物芯片、质谱仪等高通量技术的日渐成熟,更加推进了系统生物理论的研究步伐,使其在得以信息收集、整合、数据挖掘的基础上,全方位地研究生命活动的规律。据此,以整体和相互关系为研究对象的系统生物学(system biology)成为当今生物学研究领域中新的研究热点^[11]。“系统生物学”一词在美国 NIH 的 PubMed 文献库最早可检索到 Zieglgansberger 和 Tolle 于 1993 年发表的一篇神经系统疾病研究的论文摘要,根据 1968 年国际系统理论与生物学会议(最早提出 system biology 一词)定义为采用系统论方法研究生物学。1989 年在美国召开的生物化学系统论与生物数学国际会议探讨了生物学的系统论与计算生物学模型研究。系统生物学的主要研究对象是生物有机体,生物有机体可以看做由基因、蛋白质和生化反应所组成的生物系统。系统生物学不同于以往仅关心个别基因和蛋白质的分子生物学,它研究细胞信号传导和基因调控网络、生物系统组成之间相互关系的结构和系统功能的涌现。

依据系统生物学的观点,可以将生物系统的特点概括为“整体、动态、层次、整合”^[12],其主旨在于从整体高度来理解生物系统,是生物学的一个新研究领域,其出现是继人类基因组计划完成之后,生命科学转为整合性研究的一个新高度。基于分子生物学对生命体研究的进展,系统生物学着重于以系统的联系性来阐释生命现象^[13]。

由此可见,系统生物学与传统生物学方法的区别在于,系统生物学从整合的角度来对生物学进行研究,而传统生物学更侧重于对某一基因或其编码蛋白质的研究。系统生物学的观点认为,生物体内各个子系统间不是独立的,而是希望寻找新的方法来阐明子系统间相互作用的问题。系统生物学和传统生物学的本质区别是前者强调用系统的观点研究生物,更注重各部分间的相互关系,即整体大于部分之和。

系统生物学的研究对象为有机体内无数个小网络通过层次与层次之间、网络与网络之间、系统与系统之间的联系建立复杂的系统,而不是简单的系统叠加。这个复杂系统也会通过不同网络之间的信息传递和整合,使蛋白质最终具有生物功能,如此势必会出现一些单独系统所反映的新行为,这就是系统生物学的特征。因此,也可以说信息是生命赖以生存的关键因素。

但是,在生命发展的过程中,生命各个单元之间存在的相互影响和相互关系也