

BIOMATHEMATICS APPRECIATION 生物数学欣赏

赵斌 著

西北农林科技大学出版社

生物数学欣赏

赵 斌 著

西北农林科技大学出版社

图书在版编目(CIP)数据

生物数学欣赏/赵斌著. —杨凌: 西北农林科技大学出版社, 2013.1
ISBN 978-7-81092-797-0

I. ①生… II. ①赵… III. ①生物数学-研究 IV. ①Q-332

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2013)第 023622 号

生物数学欣赏

赵斌 著

出版发行	西北农林科技大学出版社	
地 址	陕西杨凌杨武路 3 号	邮 编: 712100
电 话	总编室: 029-87093105	发行部: 87093302
电子邮箱	press0809@163.com	
印 刷	陕西杨凌森奥印务有限公司	
版 次	2013 年 1 月第 1 版	
印 次	2013 年 1 月第 1 次	
开 本	787 mm×960 mm 1/16	
印 张	9.5	
字 数	186 千字	

ISBN 978-7-81092-797-0

定价: 20.00 元

本书如有印装质量问题, 请与本社联系

内 容 简 介

本书以生物数学的起源与形成为主线,通过透析生物数学思想演变的内在逻辑,窥觅到了它的产生和发展是环环相扣的有机的统一体,并将生物数学从其思想内部打通——首先对生物数学的知识体系进行整体梳理;然后把握生物数学起源与形成过程中各个阶段的关节点,选择一类具有代表性的生物数学模型(种群动态数学模型),以该模型的产生和发展过程作为突破口,通过猜想,重新构造各个阶段的关节点产生原因;最后,以相关原始文献验证上述猜想。

全书重点突出,脉络分明,并注意引用生动的史实和丰富的图表,因而适合于综合大学、农林院校对生物数学感兴趣的本科生和研究生以及从事与生物数学相关工作的教师阅读参考。

序 言

随着生命科学的迅速发展,生物数学在其中发挥着日益重要的作用。生物数学为生命科学提供了强大的理论保证与快捷的计算工具,并有助于人们更早地发现和掌握自然界的生态规律,从而更好地利用自然、改造自然,优化资源配置和生态环境管理。特别是到了现代,生物数学的理论成果已被广泛应用于作物育种、生物群落的格局、森林开发、病虫害防治、污染物治理、疾病分析等众多领域。然而,要掌握最新的生物数学理论知识,仅仅学习理论知识是不够的,人们有必要了解生物数学的产生和发展过程。这对于人们理解生物数学起着极其重要的作用。

本书从生物数学的起源入手,最后走向生物数学学科形成及发展的曲折历程,试图做引玉之砖,为生物数学思想研究做一点铺垫。希望读者能够通过这本书把生物数学读“薄”,不至于看到浩如烟海的生物数学资料就觉得“头大”,有找不着方向的感觉,而一旦没有了方向,就势必迷失于之中。

本书将生物数学从其思想内部打通,首先对生物数学的知识体系进行整体梳理;然后把握生物数学起源与形成过程中各个阶段的关节点,选择一类具有代表性的生物数学模型(种群动态数学模型),以该模型的产生和发展过程作为突破口,通过猜想,重新构造各个阶段的关节点产生原因;最后,以相关原始文献验证上述猜想。

本书不流于罗列生物数学家、生物数学分支的一般描述,不限于重大生物数学事件的编年史式的记录,而是在生物数学思想发展的来龙去脉上下工夫。通过透析生物数学思想演变的内在逻辑,窥觅到了它的产生和发展是环环相扣的有机的统一体。

衷心感谢中国数学会生物数学学会理事长陈兰荪教授在百忙之中先后十几次寄给我与中国生物数学发展相关的珍贵图片资料,并鼓励我将研究成果和撰写的研究论文整理成书出版,以便早日填补国内相关著作的空白。同时,感谢我的恩师李文林先生(中国科学院数学与系统科学研究院数学研究所研究员)长期以来对我的支持与

鼓励,尤其是李先生为我提供了在中国科学院图书馆专心查阅生物数学相关文献的优越条件。我还特别向西北大学数学系曲安京教授、赵继伟副教授表达我的感激之情。本书的许多思想方法都是在他们的启发下产生的。

本书的初稿是我在法国国家科学研究院(CNRS)做博士后研究之余完成的,感谢法国科学院的工作人员为我提供了安静的房间和面对窗外塞纳河的办公桌。

本书在写作过程中,参阅了大量国内外有关文献,并引用了其中的一些资料,部分已注明出处,限于篇幅,仍有部分文献未列出,我对这些文献的作者表示由衷的感谢和歉意。本书原计划就生物数学的未来发展情况展开深入讨论,并对生物数学优化模型展开专题研究,而由于力所不逮,这些原拟详论的问题在撰写时只能触及皮毛,这让我深感遗憾。然而,我决心今后继续努力,踏实钻研,争取在生物数学的研究中做出有意义的工作。

本书受到西北农林科技大学博士科研启动基金项目“生物数学思想研究”(项目批准号:Z109021119)、国家自然科学基金项目“传统科学中的数值算法系统研究”(项目批准号:11171271)、国家自然科学基金项目“代数方程根式可解性理论前史研究”(项目批准号:11001217)资助,谨此致谢。

本书适合对生物数学感兴趣的本科生和研究生及从事与生物数学相关工作的教师阅读参考。

赵 斌

2012年5月1日

目 录

第1章 绪 论	(1)
1.1 背景与意义	(1)
1.1.1 背景	(1)
1.1.2 意义	(6)
1.2 研究思路与创新点	(7)
1.2.1 研究思路	(7)
1.2.2 创新点	(7)
1.3 生物数学简介	(7)
1.3.1 生物数学概念厘定	(8)
1.3.2 生物数学的主要分支	(8)
第2章 一类生物数学模型的产生和发展	(10)
2.1 沈括的种群模型	(11)
2.2 斐波那契的种群动态数学模型	(11)
2.3 徐光启的人口增长模型	(13)
2.4 格朗特的生命表模型	(14)
2.5 欧拉的人口几何增长动态数学模型	(15)
2.6 传染病动态数学模型	(15)
2.7 马尔萨斯模型	(18)
2.8 逻辑斯蒂克(Logistic)模型	(19)
2.9 洛特卡—沃尔泰拉模型	(22)
2.10 洛特卡—沃尔泰拉模型的扩展模型	(25)
2.11 单种群扩散动态数学模型	(30)
2.12 多种群扩散动态数学模型	(33)
2.13 复合种群动态数学模型	(34)
2.14 郝林种群动态数学模型	(35)
2.15 混沌种群动态数学模型	(37)
2.16 小结	(39)
第3章 生物统计学的起源与形成	(41)
3.1 拉普拉斯与生物统计学	(42)
3.2 凯特勒特与生物统计学	(42)

3.3	孟德尔与生物统计学	(43)
3.4	高尔顿与生物统计学	(43)
3.5	卡尔·皮尔逊与生物统计学	(45)
3.6	戈塞特与生物统计学	(46)
3.7	费希尔与生物统计学	(47)
3.8	奈曼—伊亘·皮尔逊假设检验理论	(49)
3.9	生物统计学常用术语的产生	(50)
3.9.1	总体与样本	(50)
3.9.2	参数与统计量	(51)
3.9.3	试验设计法	(52)
3.9.4	点估计	(52)
3.9.5	区间估计	(53)
3.9.6	假设检验	(54)
3.9.7	统计决策理论	(54)
第4章	数量遗传学的起源与形成	(55)
4.1	孟德尔与数量遗传学	(55)
4.2	哈代—温伯格遗传平衡定律	(57)
4.3	摩尔根与数量遗传学	(59)
4.4	数量遗传学的产生与发展	(64)
4.5	沃森—克里克脱氧核糖核酸右手双螺旋结构	(68)
4.6	木村兹生与数量遗传学	(68)
4.7	拓扑数量遗传学	(69)
第5章	数学生态学的起源与形成	(71)
5.1	奥德姆与数学生态学	(71)
5.2	迈克阿瑟与数学生态学	(72)
5.3	罗伯特·梅与数学生态学	(73)
5.4	数学生态学中的牛顿定律	(74)
5.5	数学生态学中的模糊数学	(76)
第6章	生物信息学的起源与形成	(78)
6.1	遗传算法的产生和发展	(79)
6.2	生物信息学中的主要数学方法	(80)
6.2.1	概率论与数理统计方法	(80)
6.2.2	运筹学方法	(81)
6.2.3	信息论方法	(81)
6.2.4	序列比对方法	(82)

6.2.5 其他主要数学方法	(82)
第7章 五位重要人物对生物数学的影响	(83)
7.1 孟德尔对生物数学的影响	(83)
7.2 沃尔泰拉对生物数学的影响	(88)
7.3 高尔顿对生物数学的影响	(96)
7.4 费希尔对生物数学的影响	(98)
7.5 拉谢甫斯基对生物数学的影响	(100)
第8章 生物数学的社会化及发展方向展望	(106)
8.1 生物数学的社会化	(106)
8.1.1 生物数学专门期刊的创办	(106)
8.1.2 生物数学专著的出版	(107)
8.1.3 生物数学社团的成立	(108)
8.1.4 生物数学奖励	(108)
8.2 生物数学的发展方向展望	(112)
8.2.1 生物数学将广泛渗透和应用于生物医学	(113)
8.2.2 多物种复合种群模型将趋于成熟	(115)
8.2.3 将创造出更适合于生物学的新数学	(118)
第9章 中国生物数学的开拓	(123)
9.1 生物数学在中国的早期发展	(123)
9.1.1 六位学者的开创性工作	(123)
9.1.2 数学生态学学术活动	(127)
9.1.3 生物数学讨论会	(128)
9.2 中国生物数学教育的兴办	(129)
9.3 生物数学社团的产生	(130)
9.4 生物数学专门期刊的创办	(130)
9.5 生物数学专著的出版及重要记载	(132)
9.6 生物数学学术会议频繁开展	(134)
9.6.1 全国性生物数学学术会议	(134)
9.6.2 省级生物数学年会	(136)
9.6.3 国际生物数学学术会议	(136)
9.6.4 双边生物数学会议	(138)
9.7 小结	(139)

第1章 绪论

1.1 背景与意义

1.1.1 背景

生物数学已经成为一门比较完整并且相对独立的学科。1974 年生物数学被联合国教科文组织列为一门独立学科。中国于 1992 年制定和发布的《学科分类与代码(GB/T 13745—92)》亦将生物数学列为一门独立学科,但目前尚未发现国内外有全面系统讨论生物数学起源与形成的论著。笔者认为有必要对生物数学的产生与发展过程做一个详细整理。

生物数学由数学与生物学结合而成,并在广泛的应用中建立和完善自己的理论体系,发展出了许多适应于生物学特点的独特数学方法^①。

20 世纪初至 21 世纪,生物科学的发展突出表现在生物科学和数学的结合上。在此过程中,形成了如今生物数学研究中的许多热点分支:生物统计学、数量遗传学、数学生态学、生物信息学、分子进化和发育、系统生物学、计算生物学、群体遗传学、生物动力学等。

生物数学是近现代应用数学中有着最大进展和发展潜力的领域,数学的几乎所有分支都已经渗透到了生物学中,并产生了许多对理论数学不具有普适性,但却很适合于解决生物学问题的专门技巧与方法^②。

关于生物数学起源的确切日期,由于人们总能找到更早些的时间点作为生物数学的起源日期,所以生物数学起源的日期应该为某段时期,而不可能为某个时间点。

关于生物数学形成的日期,可以确定为 1939 年。这是因为在 1939 年,拉谢甫斯基(Nicolas Rashevsky, 1899—1972)在英国创刊《数学生物物理学通报》(Bulletin of Mathematical Biophysics),这一事件标志着生物数学正式成为一门学科。拉谢甫斯基于 1972 年将该杂志更名为《数学生物学通报》(Bulletin of Mathematical Biology)。该杂志全年共六期,由 Elsevier Science 出版社出版,主

① Chytil M.K. On the concept of biomathematics[J]. Acta Biotheoretica, 1977, 26(2): 139

② 张凤琴. 生物数学发展概述[J]. 运城学院学报, 2005, 23(05): 1-3

要刊载生物数学理论与实验研究,数学家与生物学家之间的学术交流简讯,以及生物数学教学辅导性文章^①。

生物在其成长过程中的变化状态有些是连续的,也有些是离散的,如生物繁殖、细胞分裂等。数学分析问世后,特别是极限的理论完备后,在一定的条件下可以将生物学中某些离散现象理解为是几乎处处连续的,当然也考虑其中可能存在的不连续点,不过那些不连续点只是可数多个,由这可数多个不连续点所构成的集合的测度为零。

汤普森(D'Arcy Thompson, 1860—1948)于1917年写过一部巨著《论生长与形态》,其中详细说明了离散现象是大量存在的^②。

数学发展到今天,已经可以处理确定性的非线性生物模型及随机性的线性生物模型,并且在处理随机的非线性模型方面也取得了一些进步。此外,近代数学使生物学中的离散现象和突变现象能够用离散数学与图论解释,从而突破了数学分析等主要传统数学分支只能有效处理连续性生物学问题的限制。

1965年,美国加州大学数学家扎德(Lotfi Asker Zadeh, 1921—)教授在他发表的开创性论文《模糊集合》中提出模糊理论^③。该论文一问世,很快被应用于生物学,使生物学中大量存在的模糊对象与现象实现了数量化,并为进一步做数据分析等处理做好了量化准备。以模糊集合为基础的模糊数学使生物现象中的许多模糊现象能够用比较精确的数字来描述。模糊数学在生物学中的广泛应用以及快速发展的现实,使它在当初学术上的激烈争辩之中确立并巩固了自己的地位。

随着数学理论本身的快速发展,生物学中大量存在的二元不连续特性可以用“布尔代数”进行描述。英国数学家布尔(George Boole, 1815—1864)是第一位成功建立逻辑演算的科学家。他于1847—1854年间创立了运用于逻辑运算的“布尔代数”^④,使数理逻辑发展为数学的一个重要分支。现在布尔代数的内容已经从以传统的演绎逻辑为对象的最狭义数理逻辑,概括到最广义的归纳逻辑,对逻辑学和数学及计算机科学技术的发展都发挥了重要的作用。

当今几乎所有的生物数学应用工作都会产生大量的数据,必须借助计算机才能实现对这么多数据进行有效处理的可能。高性能计算机的介入使脱氧核糖核酸(即DNA)序列测定技术快速发展。计算机等信息技术的快速发展使数学能够更加广泛地应用于生物学,从而产生了许多新的生物数学分支(如生物信息学)^⑤。

① Cull P. The mathematical biophysics of Nicolas Rashevsky[J]. Biosystems, 2007, 88(3): 178-184

② Thompson D'Arcy W. On growth and form[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 1917

③ Zadeh L.A. Fuzzy sets[J]. Information and Control, 1965, 8: 338-353

④ Parshall K.H. George Boole: Selected manuscripts on logic and its philosophy[J]. Historia Mathematica, 2002, 29(4): 491-493

⑤ Chytil M.K. On the concept of biomathematics[J]. Acta Biotheoretica, 1977, 26(2): 139-147

最近几十年,随着基因组学的发展,生物学家们越来越体会到数学的重要性。拓扑学,特别是其中的纽结理论为解开 DNA 双螺旋结构之谜提供了一把钥匙,并因此解释了 DNA 和蛋白质这两类最重要的生物大分子选择螺旋作为其空间结构基础的数学原因^①。而数理统计应用于遗传学,概率论应用于人口统计和种群理论,微分方程应用于各种生物数学模型的建立,布尔代数应用于神经网络描述等,这一切已构成了“生物数学”的丰富内容^②。

一方面,数学推动了生物学的发展,使生物学从经验科学上升为理论科学,由定性科学转变为定量科学;另一方面,人们在利用数学研究生物现象与生物问题的过程中,也得到一些新的数学定理,并给数学工作者们提出了许多新课题,从而也推动了数学理论的发展,例如:

(1)“斑德尔特—拽斯”裂解定理。该定理由斑德尔特(Hans-Jürgen Bandelt, 1951—)和拽斯(Andreas Dress, 1938—)于1992年在研究有限集合上的正则分解理论时提出^③。斑德尔特—拽斯裂解定理在进化生物学中为生物系统的重建提供了一个多面体组合学的研究框架。

(2)“湃齐特—斯派尔”重构(依据子树权重)定理。该定理由湃齐特(Lior Pachter)和斯派尔(David Speyer)于2004年提出^④。湃齐特—斯派尔重构(依据子树权重)定理在生物统计学中有较多应用。

(3)“布科尹斯喀—威斯纽思恺”树的环面族定理。该定理由布科尹斯喀(Weronika Buczynska)和威斯纽思恺(Jaroslaw Wisniewski)在2007年发表的《进化树上的二元对称模型的几何形状》中给出^⑤。布科尹斯喀—威斯纽思恺树的环面族定理指出:当 T 跑遍有 $n+1$ 片叶子的内度为3的树的组合形时,所有的环面族都将落入射影空间上的希尔伯特概形的同一个连通分支。

(4)“艾黎匝尔得—伍兹”极少量推断函数定理。该定理是艾黎匝尔得(Sergi Elizalde)与伍兹(Kevin Woods)于2007年在进行生物序列分析中的基因预测与基因比对的研究中提出的^⑥。艾黎匝尔得—伍兹极少量推断函数定理说明:只有很

① Elowitz M.B., Leibler S.A synthetic oscillatory network of transcriptional regulators nature[J].2000, 403(6767): 335-338

② Keller E.F.Refiguring Life: Metaphors of twentieth-century biology[M].New York: Columbia University Press, 1995

③ Bandelt H.J., Dress A.A canonical decomposition theory for metrics on a finite set[J].Advances in Mathematics, 1992, 92(1): 47-105

④ Pachter L., Speyer D.Reconstructing trees from subtree weights[J].Applied Mathematics Letters, 2004, 17(6): 615-621

⑤ Buczynska W., Wisniewski J.On geometry of binary symmetric models of phylogenetic trees[J].J.Eur. Math.Soc., 2007, 9(3): 609-635

⑥ Elizalde S., Woods K.Bounds on the number of inference functions of a graphical model[J].Statistica Sinica, 2007, 17(4): 1395-1415

少的函数能够成为真正的推断函数。它在生物医学中的应用十分广泛。

数学与生物学经过一定时间的结合与相互促进,最终促成了生物数学的诞生^①。

近一个世纪,生物数学得到飞跃式的发展。其标志是:

(1)在生物学的柱石—生物进化研究的推动下,生物统计学得到快速发展。1901年,英国生物统计学家高尔顿(Francis Galton, 1822—1911)和他的学生卡尔·皮尔逊(Karl Pearson, 1857—1936)共同创办的《生物统计学》杂志,使卡尔·皮尔逊成为描述统计学的旗帜;而费希尔(Ronald Aylmer Fisher, 1890—1962)于1934年创立了“试验设计”等,成为推断统计学的旗帜^②。

(2)20世纪初,奥地利生物统计学家孟德尔(Gregor Johann Mendel, 1822—1884)的两个遗传定律被重新发现;同时在美国著名生物遗传学家摩尔根(Thomas Hunt Morgan, 1866—1945)的领导下,他与其学生们发现了连锁与交换遗传定律,确认了基因位于染色体上,并利用连锁分析实现了基因在染色体上定位,使摩尔根学派成为经典遗传学的主流。

(3)对达尔文进化学说进行了两次修正。第二次修正借助于数学家与遗传学家的结合,并形成了群体遗传学的学科体系;1968年,日本数量遗传学家木村兹生(Kimura Motoo, 1924—1994)通过对肌球蛋白、细胞色素C及丙糖磷酸脱氢酶的计算提出了生物进化的“中性理论”,使进化研究进入分子时代^③。木村兹生发现:进化的平均速率为平均每100个氨基酸在 2.8×10^7 年中将有一个氨基酸被取代,而核苷酸的取代速率却是平均每2年被取代一个,如此高的取代速率使木村兹生推测出种群内的很多突变都是选择“中性”的。中性理论的内容包括“没有自然选择的DNA进化速率更快”——可理解为最幸运者生存。在建立中性理论时,木村兹生既批判又延伸了群体遗传学。但中性理论以突变和遗传漂移解释进化速率及核苷酸多态水平,故该理论还不足以解释复杂的生命及其适应性,尤其是网络般的基因群及细胞信号系统进化。

(4)在微效多基因学说基础上,费希尔把基因型值分解为加性、显性和上位效应三个部分,并给出了统计分析方法,形成了“数量遗传学”的理论框架,为育种分析提供了理论基础和方法。

(5)1953年,美国生物学家沃森(James Dewey Watson, 1928—)和英国数学家克里克(Francis Harry Compton Crick, 1916—2004)在前人研究的基础上,结合对DNA的X射线衍射研究,提出了DNA双螺旋空间结构模型和DNA自我复制的机理,解决了遗传信息世代的传递问题,使生物学研究进入分子生物

① 徐克学.生物数学[M].北京:科学出版社,2002:6-9

② 林德光.生物统计的数学原理[M].沈阳:辽宁人民出版社,1982:4-5

③ Kimura M. Evolutionary rate at the molecular level[J]. Nature, 1968, 217(5129): 625

学时代^①。

(6) 1962年,美国著名数学生态学家奥德姆(Howard Thomas Odum, 1924—2002)的生态系统研究,将生态学与数学完美结合起来,推动了数学生态学的形成与飞速发展。

(7) 自1993年以来,人们提出了以基因重组技术为核心的分子生物技术,并于2003年完成了人和各种模式生物基因组的测序,第一次揭示了人类的生命密码,使分子生物学进入后基因组时代。

(8) 生物动力学方法的提出和发展。其中,具有代表性的是关于生物种群方程的研究^②,并进一步涉及混沌现象^③、突变理论,分维现象^④的数学表达和研究等。

当前,生物学领域中的每一项重要进展,几乎都离不开对严密数学方法的利用。数学对生物学的渗透,已经使人们对生物系统的刻画越来越精细。生物本身是一个复杂的有机体,在得到一些整体的、模糊的、初步的认识之后,生物学理论研究的逐渐细化似乎显得不可避免——逐渐细致地掌握复杂系统的各个要素、各个方面之后,才能够理直气壮地进行综合,并得到全新的、更加完善的整体认识,这为生物理论的数学化、精确化提供了条件^⑤。而数学渗透到物理学、天文学、化学等方面所取得的经验,也自然地向着生物学渗透,这更加速了生物数学的产生与发展^⑥。

借鉴法国著名数学家庞加莱的一句名言,笔者认为:“如果我们希望预知生物数学的将来,最合适的途径就是研究生物数学的历史和现状。”

通过翻检我校图书馆的书库、中文数据库、外文数据库以及两大学术搜索引擎 <http://www.scirus.com/>、<http://scholar.google.cn/>等发现:时间跨度为1979—2012年,在生物数学的起源与形成上做研究的学者很少,而且研究不深入,有的学者只是在相关杂志或专著中用很小的篇幅提及。比如1977年,齐题尔(M.K.Chytil)在分析了历史上出现的各种不同的生物数学概念后,发表了论文《生物数学的概念》,但这篇论文没有深入探讨生物数学的起源与形成的背

① Watson J.D., Crick F.H.C. A Structure for deoxyribose nucleic acid[J]. Nature, 1953, 171 (4356): 738

② 陈兰荪, 陈健. 非线性生物动力系统[M]. 北京: 科学出版社, 1993: 14-26

③ Zhang S.W., Tan D.J., Chen L.X. Chaos in periodically forced Holling type II predator-prey system with impulsive perturbations[J]. Chaos, Solitons & Fractals, 2006, 28(2): 367-376

④ Li Z., Dong H.H. Abundant new travelling wave solutions for the $(2+1)$ -dimensional Sine - Gordon equation[J]. Chaos, Solitons & Fractals, 2008, 37(2): 547-551

⑤ 徐克学. 试论生物数学的特点与展望[J]. 生物数学学报, 1986, 1(2): 151-154

⑥ 赵强, 庞国萍. 生物数学的发展及应用[J]. 玉林师范学院学报(自然科学版), 2007, 28(3): 14-18

景;还有一些文献仅谈论某个生物数学家的生活轨迹及所取得的成就,没有真正探讨生物数学起源与形成的过程^①。

至今,国内外尚未出现对生物数学的思想进行专门研究的论著,笔者认为其原因主要分为以下三个方面:

(1)思想家们认为生物数学思想的研究不是当前研究的主流,缺乏对其进行研究的动力;

(2)数学家或生物学家们忙于在当今方兴未艾的生物数学这个新领域上驰骋,无暇顾及生物数学思想的研究;

(3)在生物学进展到分子水平的今天,沉醉于 DNA 双螺旋的发现,并试图将一切生命现象的源头上溯到双螺旋片段的生物数学家们似乎已无心回眸生物数学产生和发展的过程。

然而,要更好地理解生物数学的基本特点,仅仅学习生物数学现有理论知识是不够的,人们必须了解生物数学产生和发展的过程。只有仔细研究生物数学产生的艰难历程——即研究清楚早期的、必须逐个加以否定的一切错误假定,也就是说弄清楚过去的一切失误,才有可能真正彻底而又正确地理解生物数学的本质思想,从而找到解决当前生物数学难题的新方法。因此,可以说不了解生物数学产生和发展的过程就不可能全面了解生物数学。

生物数学的科学大厦是一层一层地建起来的,上层理论离不开下层理论的支持,如果想掌握生物数学的最新发展动态,就需要首先理解过去所提出的生物数学思想,而且单理解还不够,还需要了解它们之间的关系——上层理论是如何以下层理论为基石的。因此,很有必要了解生物数学起源与形成的过程,了解生物数学的发展历程,从而了解它们之间的关系,进而加深对生物数学的理解。

现代社会的发展离不开生物数学,生物系统的复杂性与人类社会相仿,因此,还可以说生物数学思想是现代社会文明的缩影。

综上所述,有必要及时对生物数学起源与形成的历程进行反思,就生物数学这门学科目前的整体发展情况而言,其实它早已向近现代数学思想研究者发出了这样的要求,促使他们对生物数学进行回眸、反思与展望。

1.1.2 意义

(1)由于目前国内外尚未出现对生物数学思想进行专门研究的论著,所以本书对生物数学的起源与形成过程所做详细梳理将填补这方面研究的空白,并可为相关学者开展生物数学思想的后续研究提供新的参考资料和线索。

^① Israel G., Millán Gasca A. The biology of numbers: The correspondence of Vito Volterra on mathematical biology[M]. Basel: Birkhauser, 2002

(2)在本书的写作过程中,我们首先以在生物数学中运用最为广泛、深入,并且发展最为系统和成熟的“种群动态数学模型”^①的产生和发展过程作为突破口,进行研究和描述,这对于接下来详细地考察生物数学四大分支起源与形成的过程,较全面的概括五位关键人物在生物数学上所作贡献,并对生物数学在中国的传播与发展进行专题研究,清晰地展现生物数学起源与形成的过程,探索了一种新的表述方式。

(3)目前生物数学中有许多难题还没有找到新的方法加以解决,对生物数学思想的研究,如同生物数学难题研究本身一样,既充满兴趣和困难,又显示其必要性。而研究生物数学的起源与形成过程将有助于弄清过去的失误,从而真正彻底而又正确地理解生物数学的本质思想,以便找到解决当前生物数学难题的新途径。

1.2 研究思路与创新点

1.2.1 研究思路

首先对生物数学的知识体系进行整体梳理;然后把握生物数学起源与形成过程中各个阶段的关节点,选择一类具有代表性的生物数学模型(种群动态数学模型),以该模型的产生和发展过程作为突破口,通过猜想,重新构造各个阶段的关节点产生原因;最后,以相关原始文献验证上述猜想。

1.2.2 创新点

(1)首次对生物数学产生和发展的历史进行了较为全面系统地梳理,勾勒了该学科的历史脉络,弥补了以往相关工作的不足。

(2)选择了生物数学中运用最为广泛、发展最为系统的“种群动态数学模型”作为切入点,探索了生物数学的起源与形成,指出了该类生物数学模型经历的15种形态。

(3)对生物数学四大分支的起源与形成过程进行了考察,对五位关键人物在生物数学上的贡献作了较全面的概括。

(4)对生物数学在中国的传播与发展进行了专题研究。

1.3 生物数学简介

生物数学不能简单地理解为数学在生物学上的应用,它有许多对理论数学不具备普适性,但却很适合于研究生物学问题的独特技巧与方法。下面首先对

^① 陈华豪,徐文科.生物种群动态数学模型的参数辨识方法[J].农业系统科学与综合研究,1993,9(1):45-50

其概念进行厘定。

1.3.1 生物数学概念厘定

首先,生物数学中的“生物”这个名词是由法国学者拉马克(Jean Baptiste Lamarck, 1744—1829)(图 1.1)于 1802 年在他出版的《水文地质学》中最早提出^①。拉马克为动植物学的分类和生物进化论提出了许多新的理论。他把蠕虫和昆虫这两类无脊椎动物分为十个不同的纲。他的分类后来成了现代生物分类学的基础。另外,他还通过研究动物习性与器官的相互作用而提出了“用进废退”、“获得性遗传”两条规律,因而有些学者认为是他把生物学引进到一个新时代。



图 1.1 拉马克

1937 年,英国生物学家伍杰(Joseph Henry Woodger, 1894—1981)开始构建具有自身“思维方式”的生物学,使其获得“自主”,可以与数学自由结合,并给出了“生物数学”这个新名词^②。

1972 年,罗森(Robert Rosen, 1934—1998)给出了下述关于生物数学的定义:

生物数学是研究生物的数量性质与空间格局的科学,是应用数学的理论和研究方法研究生物学中的问题和数据的科学^③。

1977 年,齐题尔(M.K.Chytil)专门分析了历史上出现的各种生物数学概念,并发表了论文《生物数学的概念》^④。他通过归纳、总结后认为:生物数学是生物学与数学互相渗透而形成的一门初见雏形,正处于发展形成中的交叉学科。笔者参照现在普遍接受的关于数学概念的定义,认为:生物数学是研究生物学中数量关系与空间结构的科学。

1.3.2 生物数学的主要分支

生物数学已经具有比较完整的理论基础,它的应用已经遍及生物学几乎所有领域。其中,生物信息学、生物统计学、数学生态学、数量遗传学可作为其四大分支。图 1.2 中的左边四个分支是按所涉及的不同数学方法来分类的,右边的十一个分支是按所研究生物学对象中的不同子分支来分类的。它们紧密联

① Lamarck J.B.Hydrogéologie[M].Paris: L'auteur, 1802

② Woodger J.H.The axiomatic method in biology[M].Cambridge: Cambridge University Press, 1937: 13-21

③ Rosen R.Foundations of mathematical biology III[M].Academic Press, New York, 1972: 361-393

④ Chytil M.K.On the concept of biomathematics[J].Acta Biotheoretica, 1977, 26(2): 137-150