

数学交叉学科与应用数学丛书

生物数学

——种群生物学与传染病学中的
数学模型
(第2版)

[美] Fred Brauer Carlos Castillo-Chavez 著
金成桴 译

Mathematical Models
in Population Biology
and Epidemiology
(Second Edition)

清华大学出版社

数学交叉学科与应用数学丛书

生物数学

——种群生物学与传染病学中的
数学模型

(第2版)

[美] Fred Brauer Carlos Castillo-Chavez 著

金成桴 译

Mathematical Models
in Population Biology
and Epidemiology

(Second Edition)

清华大学出版社

北 京

内 容 简 介

本书结合大量例子和实际问题,由浅入深地介绍了生物数学中的两个主要领域——种群生物学与传染病学中的数学模型.全书分为单种群模型、物种间相互作用模型、结构种群模型和疾病传播模型4个部分,共10章.

本书可作为生物学、医学、数学等有关专业的大学本科生和研究生的教材,也可供种群生态学、传染病学或进化论生物学等领域的科研人员参考使用.书中提供的大量实际案例和参考文献,是有关人员难得的资源.

Translation from English language edition:

Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology(Second Edition)

Copyright © Springer 2012

Springer is a part of Springer Science+Business Media.

All Rights Reserved.

本书中文简体字翻译版由德国施普林格公司授权清华大学出版社在中华人民共和国境内(不包括中国香港、澳门特别行政区和中国台湾地区)独家出版发行.未经出版者预先书面许可,不得以任何方式复制或抄袭本书的任何部分.

北京市版权局著作权合同登记号 图字:01-2012-7210

版权所有,侵权必究.侵权举报电话:010-62782989 13701121933

图书在版编目(CIP)数据

生物数学:种群生物学与传染病学中的数学模型:第2版/(美)布劳尔(Brauer,F.), (美)卡斯蒂略-查韦斯(Castillo-Chavez,C.)著;金成桴译. --北京:清华大学出版社,2013

(数学交叉学科与应用数学丛书)

书名原文:Mathematical models in population biology and epidemiology, Second Edition

ISBN 978-7-302-31921-4

I. ①生… II. ①布… ②卡… ③金… III. ①生物数学 IV. ①Q-332

中国版本图书馆CIP数据核字(2013)第078171号

责任编辑:石磊 汪操

封面设计:傅瑞学

责任校对:刘玉霞

责任印制:杨艳

出版发行:清华大学出版社

网 址: <http://www.tup.com.cn>, <http://www.wqbook.com>

地 址:北京清华大学学研大厦A座 邮 编:100084

社总机:010-62770175 邮 购:010-62786544

投稿与读者服务:010-62776969, c-service@tup.tsinghua.edu.cn

质 量 反 馈:010-62772015, zhiliang@tup.tsinghua.edu.cn

印 装 者:北京市密东印刷有限公司

经 销:全国新华书店

开 本:185mm×230mm 印 张:27 字 数:588千字

版 次:2013年8月第1版 印 次:2013年8月第1次印刷

印 数:1~3000

定 价:58.00元



在科学发展史中,利用数学模型研究生命科学的时间比起其他科学,如物理学、力学、天文学等相对来说就晚得多.其中一个主要原因是生命科学中的一些问题一般都很复杂,通常很难发现有上述学科中的相对简单的规律,如牛顿发现的自由落体运动规律、开普勒发现的行星运动三大定律等.但从另一个角度观察生物科学中的问题,尤其是种群生物学和传染病学中的一些问题,如果我们把注意力主要集中在它们的发展过程与趋势,有希望通过一般科学研究手段,在适当合理的假说下,建立相应的数学模型(通常是各类数学方程式),再对它们进行数学分析(主要是定性分析和计算机数值分析),然后将分析结果结合生物学或传染病的实际问题,与有关生物实验数据进行比较,验证假说与模型的合理性,并希望通过模型分析对具体问题能够提出预报和应对策略.最早在传染病学中的一个成功例子是,1911年英国医生 R. A. Roos(1857—1932)提出了一个疟疾传播模型,他从模型分析预告,如果能够控制蚊子到一定数量以下,就能控制疟疾病的传播.在那个时代他的这个工作对预防疟疾起了很大作用,为此他获得了当时的诺贝尔生理学和医学奖.另外,在种群动力学中,20世纪20年代意大利人 Volterra(1926)与 A. J. Lotka(1925)提出了现在被大家称为 Lotka-Volterra 模型的数学模型,利用这个数学模型可以解释出现在亚得里亚海的鱼与鲨鱼种群数量的波动.这对当地渔民来说很重要,因为他们希望知道什么时候出现的鱼多,什么时候则较少.

目前应用数学模型研究生命科学的两个主要领域是种群动力学和传染病学.几十年来这两个领域的工作已经很多,牵涉的数学也越来越广泛,除了大量的文献,也相继出版了许多优秀的著作.在我国由于各种原因,这类工作相对于西方发达国家起步较晚.但在各方面的努力下也取得了很大成绩,特别是出版了陈兰荪等的《数学生态学模型与研究》(科学出版社,1988)、《非线性生物动力学系统》(科学出版社,1993)、马知恩等的《种群生态学的数学建模与研究》(安徽教育出版社,1996)和《传染病动力学的数学建模与研究》(科学出版社,2004)、阮炯等的《神经动力学模型方法和应用》(科学出版社,2002)等一些优秀学术著作.这些书对培养我国生物数学人才和解决生命科学中的一些问题无疑起了积极推动的重要作用,但它们较多注重理论研究,更加适合有关方面的研究生和专家.迄今为止,还没有一本适合大学本科生的,特别是适合学习生物学的学生的教科书.这类书要求的数学基础不能太深,要让学过大学一二年级高等数学的学生能够接受;另一方面,生物学、传染病学等有关概念与意义介绍要详细清楚,即对数学与生物学的结合要清楚自然.这本由国际著名生物数学家 F. Brauer 和 C. Castillo-Chavez 合著的《种群生物学与传染病学中的数学模型》基本上符合

以上要求. 今年出版的这本是第2版, 内容更丰富, 实例也更多.

本书主要是给生物学系学生和生物学工作者介绍数学模型在上述两个领域中的应用, 因此数学起点较低. 从简单的微积分和一阶常微分方程起步, 介绍单种群的指数增长模型(Malthus(1798)的人口增长模型), 接着介绍广泛应用的 logistic 非线性方程, 从这个方程开始重点介绍本书的主要数学方法——定性分析方法. 全书分4大部分, 共10章. 第1部分是简单的单种群模型, 介绍连续的单种群模型和离散的单种群模型, 以及具有时滞的连续模型, 涉及的数学主要是一阶常微分方程、差分方程和时滞方程以及微分差分方程. 第2部分是物种之间相互作用的模型, 介绍竞争模型、互惠互生模型和捕食者-被捕食者模型, 以及两物种模型中的收获和资源管理, 涉及的数学主要是二维常微分方程系统、差分方程系统、最优化控制和最大值原理, 以及一点经济数学基础. 第3部分是结构种群模型, 介绍种群的年龄结构模型和空间结构模型, 特别是新版增加的具有空间结构的种群模型这一章, 介绍了种群引入空间结构的两个方法, 涉及的数学主要是差分方程系统和二阶线性偏微分方程. 第4部分是疾病传播模型, 介绍传染病模型和地方病模型, 其中除了介绍基本的各类仓室模型以外, 还介绍了适合传染病开始阶段的分枝过程的随机模型, 以及网络模型, 另外在计算再生数(包括基本再生数、控制再生数等)时, 介绍了 Diekmann 和 Heesterbeek 引入的用下一代矩阵计算基本再生数的一般方法, 这部分涉及的数学主要是常微分方程系统、差分方程系统、线性代数和概率论等. 全书在介绍数学方法时, 对基础性的内容讲解得比较详细, 即使数学基础不是很好的读者也可接受. 分析数学模型的方法通常主要是求平衡点, 并通过线性化确定平衡点的稳定性, 有些情况也讨论了周期解、分支、混沌的存在性.

本书着重通过种群动力学和传染病学的大量问题介绍数学建模和分析方法. 在介绍模型时主要介绍简单的有代表性的模型, 解释模型中各个参数的生物学意义. 作者相信简单模型不见得比复杂模型在解释实际问题时逊色多少, 书中通过具体例子说明一些简单模型的性态与相应的较复杂模型的性态是一致的. 另外, 作者在具体问题与数学模型的结合与解释方面做得比较出色和自然, 完全不同于一般数学理论的应用例子. 不少案例是实际问题的研究成果, 读者从中可以了解到如何从生物学或传染病学等问题中, 提炼出数学模型, 以及如何将数学模型分析的结果与具体的问题相联系, 找出有用的结果, 并且当出现非预期的结果时, 又该如何去修改模型以达到理想的效果. 所以正如作者们自己所言, 相信读者会发现本书对他们是有用的. 对数学系学生和数学工作者, 从本书可以学到数学建模的基本方法, 从中也可发现一些值得进一步研究的数学问题, 其中有的模型虽然已经建立了, 但真正要进行数学分析, 还有一定的工作量; 有的还只是利用计算机进行数值模拟, 有关结果还没有得到严格证明; 有的还存在一些新的问题. 即使对一些较简单的高维常微分方程模型, 除了寻找和分析平衡点以外, 周期解、分支、吸引子和混沌性态的存在性, 以及它们的生物意义等问题也是值得探究的. 所有这些正如数学的发展离不开与其他科学的联系一样, 其他学科对数学提出的挑战性问题, 也促进了数学自身的发展.

诚然, 本书毕竟是一本生物数学的入门书, 许多问题都没有介绍或者还只是接触到一点

基础知识,甚至还只是一点皮毛.好在作者在介绍基本内容的同时也指出进一步阅读的文献和相关资料,有兴趣的读者可进一步参考.

深信,当生物学(尤其是理论生物学)工作者掌握了更多的数学方法,数学工作者对生物学有了更多的了解,他们之间有了更多的共同语言与共同兴趣后,生命科学与生物数学的发展就肯定会出现一个全新的面貌,就像其他交叉学科一样.

最后,感谢作者 Fred Brauer 教授给本书写了热情友好的中文版序,还向大家介绍了他们两位与中国生物数学的专家学者和学生的合作与交流活动,以及他们自己的杰出成就和丰富经历.感谢清华大学出版社副编审石磊老师的支持与帮助,也感谢我妻子何燕俐对我这项工作的理解、支持与关心.

金成桴

2013年6月



看到《种群生物学和传染病学中的数学模型》一书第2版将要翻译成中文,我们感到莫大荣幸.能把我们的书翻译给中国年轻的研究人员,我们感到非常高兴和自豪.

Fred Brauer 和 Castillo-Chavez 在20世纪70年代已经有兴趣研究生物数学,并在最后的25年里从事于研究传染病、媒介和性传播疾病,即数学传染病学这个领域.我们非常幸运,此生有机会做我们最爱的工作——指导和研究.当我们每个人即使独立地参与数学研究时,我们也会发现,这个研究是全世界的.因此加入数学科学家的国际社会是有趣和明智的,但有时也难以履行.多年来我们与中国生物数学学家发展合作研究,并演变为深入和长期持久的友谊.

陈兰荪教授和马知恩教授是在生物数学领域做出重要贡献的中国学者. Fred 与马知恩教授相遇于1985年,那时马教授已经在微分方程的研究中做过许多工作,来到美国开始学习数学生物学.他在 Wisconsin-Madison 大学和 Tennessee 大学做过一年多的访问以后,回到中国建立了生物数学的学术团体,且在中国很快得到了发展.

在2002—2003年间加拿大和中国受到 SARS 传染病的影响比其他国家要大得多.加拿大的一个反应是建立由吴建宏率领的小组,吴通过 MITACS(信息技术与复杂系统的数学)建立传染病传播的模型.这支队伍的一个措施是鼓励加拿大和中国在传染病传播建模中的合作.联合举办的讲习班已经在西安交通大学(2006)、北京大学(2007)、复旦大学(2008)、西安交通大学(2009)、Fields 研究所、Toronto(2010)和 Alberta 大学、Edmonton(2012)开展,数位中国科学家还参加了加拿大的讨论班.这些协作使得加拿大科学家与中国科学家之间建立了联系,例如中国科学家李大潜、马知恩、邵一鸣和周义仓,而且使得加拿大和中国的作者合写的论文能正常流动.现在我们异口同声地说,我们希望这本书的中文版能突出这一点.

Carlos 首次介绍中国的生物数学是1986年在 Trieste 国际理论物理中心的著名生物数学学校里.多年来 Carlos 已与中国的多位学者合作过,包括(按首字母次序):李秉团、李佳、马知恩、王海燕、吴健宏和徐温雄.在此期间 Carlos 也直接或者合作作为学位论文的指导和博士后导师,难以置信地在中国培养出了一支研究团队,包括(博士生和博士后,括号中是时间):冯芷兰(1991—1992)、徐淑芳(1993)、黄文璋(1993—1994)、刘之梅(1996—1998)、宋保军(2002)、王晓红(2005—2008)和王小霞(2011—).本书第2版的许多参考文献是由这些人提供的,而在致谢中的是很少一部分,他们在生物数学和我们的职业生涯中起到了作用.

Fred Brauer 是微分方程专家 Norman Levindon 的学生. 他将他的兴趣发展到生物数学中大约是在 1970 年,接着与 Carlos Castillo-Chavez 研究数学传染病学是在 20 世纪 80 年代. 他是 Wisconsin-Madison 大学的荣誉退休教授,在那里他从 1960 年到 1999 年从事教学,自从 1997 年起他是 British Columbia 大学的荣誉教授. 他有 7 个博士研究生,其中两个(黄光平和张恩德)是中国人,博士后研究员包括帅志胜和王林.

Carlos Castillo-Chavez 是 Fred Brauer 的学生,是 Arizona 州立大学的摄政教授、生物数学 Joaquin Bustoz Jr. 教授,一位杰出的可持续发展的科学家,而且是数学和理论生物学研究所执行主任,该研究所侧重加强理解数学和科学,是被白宫认可的在 Arizona 州立大学的两个研究所之一. 他在康奈尔大学当教授 18 年,曾两次获得白宫奖(1992 年和 1997 年),并获得 SACNAS 杰出的科学家奖和 Richard Tapia 奖. 最近又获得美国数学会的公共服务奖和 2007 年美国数学促进会导师奖. 他指导过 27 个博士研究生、22 名博士后研究员,以及数百名本科生. 他是 Los Alamos 国家实验室的 Stanislaw Ulam 学者,是西安交通大学的荣誉教授,是麻省理工学院的马丁·路德·金 Jr. 访问学者,最近他获得了美国国家科学奖(2010—2012 年).

我们感谢实现本书中文版出版的清华大学出版社. 特别要感谢金成桴教授,他不仅仅审视这个计划,而且还花费大量的时间和精力翻译本书,并改正了许多印刷错误并将这些错误告诉了我们. 谢谢!

Fred Brauer
Vancouver, BC, Canada
September 25, 2012

Carlos Castillo-Chavez
Tempe, AZ, USA

第 2 版前言



我们这本教科书《种群生物学与传染病学中的数学模型》自出版以来迎来了 21 世纪第一个 10 年,在这 10 年中它吸引了计算、数学、建模,以及理论生物学等各届社团大量人员的兴趣,并一直让他们着迷.为此,需要撰写一本更新扩展的修订版,而这个计划也得到了 Springer 出版社的支持.10 年前,在我们写本书的时候,这个领域已经很大了,书中选择的内容带有某种任意性,即符合我们的兴趣、哲学思想和自我爱好.今天,这些接近我们兴趣的研究课题已经增长很多,以至于要写一本与种群生物学这个领域紧密相关的书已经超出了单本书的范围.所以,根据格言“东西并没有坏为什么要修理它(即使它旧了)”,我们决定保持第 1 版的核心,但改正一些错误、错别字,以及混乱的段落(同时不知不觉又可能会带来新的错误),也包括新添关于种群时空动力学的一章,还重点扩充了疾病动力学和疾病控制方面的章节.我们希望新版不仅更加丰满而且会更好.

像 SARS、肺结核、流行性感冒等传染病的反复出现,证明我们扩展两章(第 9 章和第 10 章)讨论这些传染病学是正确的.此外,该部分特别强调给出单个传染病爆发的动力学模型、流感模型,以及参数估计的研究.

此外,新的第 8 章研究种群动力学的空间结构.特别地,我们引入基本扩散、反应扩散,以及泛种群建模框架,作为对生物数学这个中心课题有兴趣的读者的初级读物.这一版还加入了大量的练习,另外,注重生物学的案子个数也翻了一番.

对于大家为本书所作的新努力,我们在这里只起了“收集者”的作用.我们收集了这些人的见解、问题和想法,特别是 MTBI(数学与理论生物研究所, <http://mtbi.asu.edu/>) 的学生与校友们的意见. MTBI 人在过去 15 年以各种方式对本书提供了大力帮助.例如,许多问题和案子都是从他们过去 15 年的 144 篇技术报告 (<http://mtbi.asu.edu/research/archive>) 中得到的启发或改编. 特别感谢 MTBI 以下的毕业生和教师们所起的作用: Juan Aparicio, Leon Arriola, H. T. Banks, Faina Berezovskaya, Naala Brewer, Erika Camacho, Reynaldo Castro, Gerardo Chowell, Ariel Cintron-Arias, Maytee Cruz-Aponte, Mustafa Erdem, Arlene Evangelista, Zhilan Feng, Jose Flores, Luis Gordillo, Christopher Kribs-Zaleta, Raquel Lopez, Dori Luli, Emmanuel Morales, Romarie Morales, Ben Morin, Anuj Mubayi, Miriam Nuno, Anarina Murillo, David Murillo, Dustin Padilla, Kehinde Salau, Fabio Sanchez, Baojun Song, Karyn Sutton, Karen Rios-Soto, Ilyssa Summers, Steve Tennenbaum, Griselle Torres-Garcia, Jose Vega, Xiaohong Wang, Steve Wirkus, 以及 Abdul-Aziz Yakubu. 此外,以下诸位老师和同事发现第 1 版的一些错别字和错误,他们是:

Malay Banerjee, Eric Cytrynbaum, Kathleen Dearing, Jonathan Dushoff, David Gerberry, Luis Gordillo, Jeff Moehkis, Steve Krone, Simon Levin, Marcin Mersan, Joseph Mudisha, Mason Porter, Dan Rubin, Hal Smith, V. P. Stokes, 以及 Pauline van den Driessche, 为他们敏锐的眼光和善意相告而感谢.

我们还要感谢 Kamal Barley, 他重绘了本书大部分图像并且编写了索引. 另外, 特别感谢 Ben Morin, David Murillo 和 Sunmi Lee, 他们给我们提供大量的问题解答. 同事 Sergei Suslov 和他的学生 Jose Vega, Raquel Lopez 提供了此次新增的第 8 章的大量问题和案子. 此外, 清样编辑 David Kramer 找到许多改进之处, Springer 出版社编辑 Donna Chemyk 也给我们提供了大量帮助.

感谢防卫部、MITACS(信息技术数学和复杂系统)、国家科学基金会、NSERC(国家科学与工程研究委员会)、Sloan 基金, 以及 Arizona 州立大学教务长和校长办公室, 他们为本书的成书提供了大力支持.

最后, 我们要感谢我们家庭的关爱和包容, 即使我们为这项工作不得不占用了周末和家庭团聚的许多宝贵时光.

Vancouver, B. C., Canada
Tempe, AZ, U. S. A.
2011 年 9 月 1 日

Fred Brauer
Carlos Castillo-Chavez



本书非常鼓励生物学学生在他们的科学研究方法中引入数学. 我们希望通过描述和分析种群生物学中的某些模型, 以及在某些理想情况下代表实际的一些案例的研究来展示数学的真实用途. 另一个目的是让数学系学生感受自然科学和社会科学中的数学建模过程.

学习本书的数学基础是一年微积分基础、一些初等微分方程背景, 以及一点矩阵知识. 数学处理较少考虑为了获得显式解的“闭形式”而介绍数学技巧, 对此学生得习惯初等数学的近似方法和定性方法. 我们强调描述数学结果的应用以及阐明如何应用这些结果, 而没有详细证明全部结果, 但会给出证明的参考文献. 我们希望生物学的学生和他们大学开始的两年打下扎实的数学基础从而在三四年级时足以能接受本书. 一些所需数学知识的回顾可在 <http://www.cdm.yorku.ca/rev2.pdf> 上找到.

对许多问题, 利用计算机代数系统可对模型的性能, 特别是对解的图像表示可以得到很多结论. 本书的一些练习和案例要求使用计算机代数系统或者考虑它们的简化. 现在 Mathematica, MATLAB 和 Maple 是被广泛应用的三个软件系统, 学生应该至少精通其中之一. 此外, 专门为动力系统设计的程序 XPP 和它的 Windows 版本 WinPP 对研究动力系统非常有用, 特别对微分-差分方程和时滞方程颇有价值. 这个由 Bard Ermentrout 开发的程序可从网站 <http://ftp.math.pitt.edu/pub/bardware/winpp.zip> 上下载.

在 Windows 下运行用 X-Windows 服务器的更精细版本 XPP 可从网站 <http://ftp.math.pitt.edu/pub/bardware/xpp4w32.zip> 上下载.

MATLAB 对微分-差分方程和时滞方程也是适用的.

一些早期的课题可在本书的附录中找到. 其中包括一些数学概念, 例如 Taylor 近似和线性代数初步, 以及用 Maple 和 WinPP 求解数学问题的一些程序. 我们把这些课题作为隐式附录的组成部分, 而一些所选练习的详细解答将以 PDF 文件形式上传到以后的网站上.

所选练习的答案在本书的附录中给出. 要对本书的材料有真正的理解就得多做其中的练习. 书后答案仅仅是用来检验你的作业而不是带给你的解答.

除了练习以外, 有些模型的扩展描述是留给读者来填补某些空隙. 这些案例的设计可作为有关小组的课外作业.

本书着重研究种群生物学. 种群生物学研究的一个实际问题是资源管理, 另一个问题是结构种群模型. 数学传染病学是通过疾病状态表现种群结构的一个例子. 本书的核心包括了任何一本建模教程开篇都应有的内容, 即第 1、2、4 章和第 5 章前面 5 节. 这几章涵盖了单种群基本的连续模型和离散模型, 以及种群间相互作用的模型. 其中包含的例子与练习对有经

验的学生也许太简单,他们可比初学者更快地掌握这些内容.关于数学传染病学第9章和第10章,也是相对比较基础的,可供基础相对较低的学生学习.第3章具有时滞的连续模型、第6章收获和资源管理的结果、第7章具有年龄结构的种群模型、第8章具有空间结构的种群模型,以及第5章后面几节这些都要求较高的数学基础.这些材料或许是为具有更多数学背景的学生和更有经验的生物学学生保留的.

参考文献不仅包含本书的参考书和文章,也包括与本书一些课题更为相关的工作.本书是生物学学生学习数学建模的原理和实践的一本入门书,当然这不是关于这个主题的最后几句话.

Vancouver, B. C. Canada
Ithaca, N. Y. U. S. A.
2000年12月30日

Fred Brauer
Carlos Castillo-Chavez

第 1 版致谢



本书主要是根据 Fred Brauer 在威斯康星大学从 1981 年开始的建模课程的授课讲义发展而成的. 它反映了使用这个课程但并非始终追随它的生物系和数学系的同事、朋友和学生的补充和批评. Carlos Castillo-Chavez 在康奈尔大学的最后 10 年为自然科学和数学系学生教学, 以及与别人共同教授的数学生态学课程时应用了这个讲义. Castillo-Chavez 还利用这个手稿的主要内容作为他在康奈尔大学数学和理论生物研究所(MTBI)的最后 4 个夏季里, 每年为期 7 周的大学生强化实验研究班(REU)课程的核心部分. MTBI 和该所的学生对本书内容和哲理有很大的贡献和影响. Castillo-Chavez 用这个手稿的一部分作为他在康奈尔大学最后 2 年给理论力学系和应用力学系的本科生讲授微分方程课程的教材. 书中包括的几个案例是 MTBI 的康奈尔-SACNAS REU 计划的本科生研究结果. 这个研究计划由 Castillo-Chavez 和 ABdul-Aziz Yakubu 一起指导.

对本书作贡献的还有 Stephen P. Blythe, Carlos Castillo-Garsow, Carlos Henañdez Suarez, Maia Martcheva, Ricardo Saenz, Baojun Song, Steve Tennenbaum, 和 Jorge Velasco-Hernández 等. 特别地, 4.9 节和 8.4 节是 Maia Martcheva 在 MTBI 的几个讲座的修改稿, 索引是 Carlos Castillo-Garsow 作的.

Héctor Miguel Cejudo Camacho 花费了大量的时间和精力来绘制或重画本书的绝大多数图像, 并帮助将手稿整理成 Springer 出版社的出版格式. 在一系列的修改期间, Ricardo Oliva 帮助整理作者的意见, 并对正文和图像进行修改, 使得各个文字片段和图像连贯成我们所希望的书.

我们还要感谢一些人, 他们直接或间接地教导了我们, 或者用多种方式发展了本书的内容. 他们是: Zvia Agur, Roy Anderson, Viggo Andreassen, Juan Aparicio, Sally Blower, Stavros Busenberg, Angel Capurro, Colin Clark, Charles Conley, Kenneth Cooke, Jim Cushing, Odo Diekmann, Klaus Dietz, Leon Glass, Zhilan Feng, Karl Hdeler, Tom Hallam, Hans Heesterbeek, Wenzhang Huang, Herbert Hethcote, John Jacquez, Simon Levin, Jia Li, Donald Ludwig, Leah Keshet, Denise Kirschner, Christopher Kribs, Tom Kurtz, Michael Mackey, Robert May, Charles McCulloch, Roger Nisbet, Joel Robbin, David Sánchez, Lisa Sattenspiel, Lee Segel, Carl Simon, Hal Smith, Avrum Soudack, Steve Strogatz, Hörst Thieme, Pauline van den Driessche, Julio Villarreal, Paul Waltman, Steve Wirkus, Gail Wolkowicz, Abdul-Aziz Yakubu, 等等.

我们还要感谢 Springer 出版社应用数学教科书系列的编辑委员会成员和几个匿名评

审人员对本书的监督和评审. 感谢 Springer 的编辑人员对本书准备过程中的耐性和理解. 特别要感谢 Springer 出版社的制作编辑 Frank McGuckin 的努力, 他在我们自己设定的最后期限无法实现时还能继续保持这个计划正常运作. 我们也感谢 Kathy McKenzie 的编辑帮助. 感谢 Springer 荣誉编辑 Achi Dosanjh 一开始就对这个计划给予的鼓励和支持以及她的耐性与极大的幽默.

最后, 我们要提醒读者, 尽管上面每个人都支持这本书的产生, 但最终的责任完全属于我们.



引言：关于种群动力学	1
------------------	---

第 1 部分 简单的单种群模型

第 1 章 连续种群模型	9
1.1 指数增长	9
1.2 logistic 种群模型	13
1.3 传染病学中的 logistic 方程	17
1.4 定性分析	21
1.5 种群模型中的收获	28
1.5.1 常数产出收获	28
1.5.2 常数能力收获	29
1.6 湖泊的富营养化：一个案例的研究	31
1.7 附录：生物系统中的参数	36
1.8 案子：云杉蚜虫	40
1.9 案子：美国人口估计	42
第 2 章 离散种群模型	44
2.1 引言：线性模型	44
2.2 差分方程的图解法	47
2.3 平衡点分析	50
2.4 倍周期与混沌性态	55
2.5 离散时间的计量模型	60
2.6 两个年龄组模型与时滞补充	63
2.7 两个差分方程的系统	67
2.8 粉甲虫种群中的振动：案例研究	70
2.9 案子：一个离散的 SIS 传染病模型	75
2.10 案子：异性对构成的离散时间模型	77

第3章 具有时滞的单种群连续模型	79
3.1 引言	79
3.2 个体平均增长率具有时滞的模型	81
3.3 时滞补充模型	85
3.4 具有分布时滞的模型	90
3.5 时滞补充模型中的收获	93
3.5.1 常数能力收获	94
3.5.2 常数产出收获	94
3.6 Nicholson 的大苍蝇: 案例研究	96
3.7 案子: 血细胞种群模型	100
3.8 案子: 某些传染病模型	102
3.9 案子: 神经元相互作用模型	102

第2部分 物种之间相互作用的模型

第4章 引言与数学预备知识	107
4.1 Lotka-Volterra 方程	107
4.2 恒化器	110
4.3 平衡点与线性化	111
4.4 线性系统解的定性性态	117
4.5 周期解与极限环	127
4.6 附录: 2×2 矩阵的标准型	133
4.7 案子: 一个戒烟模型	135
4.8 案子: 同等工人再培训模型	136
4.9 案子: 两性种群的连续模型	136
第5章 两种群相互作用的连续模型	140
5.1 竞争物种	140
5.2 捕食者-被捕食者系统	146
5.3 实验种群: 两个案例的研究	154
5.4 Kolmogorov 模型	158

5.5 互惠共生	159
5.6 云杉蚜虫：一个案例的研究	164
5.7 群落矩阵	169
5.8 物种间相互作用的特性	171
5.9 侵袭物种与共存物种	174
5.10 例子：一个捕食者与两个竞争的被捕食者	176
5.11 例子：两个捕食者竞争一个被捕食者	178
5.12 案子：简单的神经元模型	179
5.13 案子：草皮-食草动物模型	181
第 6 章 两物种模型中的收获	183
6.1 竞争物种的收获	183
6.2 捕食者-被捕食者系统中的收获	187
6.3 捕食-被捕食系统中的间歇收获	193
6.4 收获的某些经济面貌	196
6.5 收获回报的最优化	200
6.6 最优结果的论证	203
6.7 一个非线性最优化问题	205
6.8 最大值原理的经济学解释	209
6.9 案子：收获模型	212
6.10 案子：两个物种的收获	212
第 3 部分 结构种群模型	
第 7 章 具有年龄结构的种群模型	215
7.1 线性离散模型	215
7.2 线性连续模型	220
7.3 特征线法	222
7.4 非线性连续模型	228
7.5 具有离散年龄组的模型	234
7.6 案子：具有年龄结构的常微分方程	235
7.7 案子：非线性年龄结构的种群增长	236