



百家讲坛
LECTURE ROOM

系列丛书

中央电视台 CCTV 10

相识 数学

中央电视台《百家讲坛》栏目组 编

 中国人民大学出版社

01-49

46

相识 数学

中央电视台《百家讲坛》栏目组
编



中国人民大学出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

相识数学/中央电视台《百家讲坛》栏目组编.

北京: 中国人民大学出版社, 2006

(《百家讲坛》系列丛书)

ISBN 7-300-07241-0

I. 相…

II. 中…

III. 数学-普及读物

IV. 01-49

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2006) 第 031920 号

《百家讲坛》系列丛书

相识数学

中央电视台《百家讲坛》栏目组 编

出版发行 中国人民大学出版社

社 址 北京中关村大街 31 号

邮政编码 100080

电 话 010-62511242 (总编室)

010-62511239 (出版部)

010-82501766 (邮购部)

010-62514148 (门市部)

010-62515195 (发行公司)

010-62515275 (盗版举报)

网 址 <http://www.crup.com.cn>

<http://www.ttrnet.com> (人大教研网)

经 销 新华书店

印 刷 河北涿州星河印刷有限公司

开 本 720×965 毫米 1/16

版 次 2006 年 4 月第 1 版

印 张 7.75 插页 2

印 次 2006 年 4 月第 1 次印刷

字 数 89 000

定 价 15.00 元

版权所有 侵权必究 印装差错 负责调换

CCTV10 《百家讲坛》系列丛书编委会

编委会主任

高 峰

编委会副主任

王进友 冯存礼

主 编

冯存礼 李福成

执行主编

聂丛丛

编委 (按姓氏笔画)

马 琳	马晓燕	马 涛	王 晓	兰培胜	冯 阳
那尔苏	吕志强	刘德华	刘蜀静	陈德鸿	李伟宏
陈 刚	吴 林	孟庆吉	杨 晖	周芯羽	张长虹
张佳彬	赵银娥	高 虹	郭巧红	韩 晋	薛海林
魏学来	陆博第	滕士鹏			



总序

2001年7月9日，午间时分，当普通大学的学生们收拾好书包走出课堂的时候，一所特殊的、开放的“大学”悄然开学了。

说其特殊是指——

“海内外名家名师主讲，涵盖科学人文社会内容”是它的办学方针；

“聚集知识精英，共享教育资源，传播现代文化，弘扬科学与人文精神”是它的办学理念；

“学理性与实用性并存，权威性与前卫性并重，追求学术创新，鼓励思想个性，强调雅俗共赏，重视传播互动”是它的追求；

“建构时代常识，享受智慧人生”是它的办学目标。

论其开放是说——

免试免考；

不限年龄、身份；

“热爱知识”是入学的唯一要求。

这是哪所“大学”？

《百家讲坛》。

《百家讲坛》在哪儿？

中国中央电视台第十频道。

高度发达的电视技术给了人类一条捷径，让我们能与知识产生如此密切的接触！

杨振宁、李政道、丁肇中、周汝昌、叶嘉莹、白春礼、厉

以宁、冯骥才、龙应台……一个个响亮的名字在光与影搭建的讲台上传递着人类的精神。这精神是文明繁衍的动力，是人类生存的根基。

让知识可感，让思想可触，让全球的好学之士在光与影的圣殿上与我们感同身受——拥有知识确实是一种幸福。

在一千多个日出日落之后，《百家讲坛》最大的收获是七百多盘沉甸甸的磁带。七百个四十五分钟对于电视节目来说应该算一段不短的时长，特别是当这段时长记录了人类思想精髓的时候。

怎样将人类的这些思想精髓发扬光大呢？

我们想到了出版，这是一种既可供收藏又便于研读的方式。

承蒙中国人民大学出版社的鼎力支持，我们精选了五百堂课的内容制成了光盘，分系列结集出版；同时出版近三十本相关的图书，以满足热爱知识的人们不同的求知需求。中国人民大学出版社将此“大动作”称为2004年的“壮举”，对于他们的辛苦付出理应深表谢意。

观众和读者朋友，让我们在知识的传承中握手吧！

丛书编委会



目 录

相 识 数 学

数学科学的几种新的发展 林家翘 / 1

相识数学 张顺燕 / 11

数学与我们的生活 胡作玄 / 24

20 世纪数学的发展趋势 李文林 / 35

温故知新话几何 姜伯驹 / 48

数学与天文 张顺燕 / 58

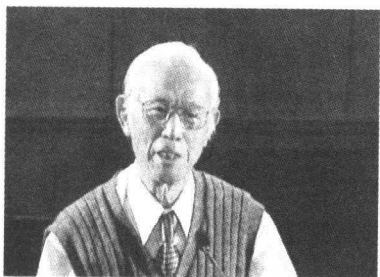
一门应用广泛的学科——应用统计(上) 谢衷洁 / 68

一门应用广泛的学科——应用统计(下) 谢衷洁 / 80

市场经济中的数学 史树中 / 92

数字能保证诚实吗? 玛丽·普维 / 106

数学科学的几种新的发展



主讲人

林家翘：美国科学院院士，中国科学院首批外籍院士，美国麻省理工学院教授，世界著名科学家。1951年被推选为美国艺术和科学院院士，是最早荣获这一荣誉的华人数学家。1962年成为美国国家科学院院士。林家翘“关于旋涡星系密度波理论”的巨大成就，被认为是“对星系的动力演化及恒星形成的天文学思想有着革命性的影响”。

生物学一直是实验科学。可是，现在大家有一个很大的疑问：数学能不能应用在生物学上？至少在美国，在我经常去的麻省理工学院和佛罗里达州立大学，都在为解决这个问题做着很大的努力。对于这个问题大家的意见很不一致，有些始终做生物实验的人说，生物科学是一门实验科学，没法用数学来解答问题。因为生物科学的现象太复杂了，数学总是趋于简化，简化以后就把真迹给抹掉了，不能解决问题，不能应用。而应用数学研究者的意见呢？他们认为要应用数学，比如说结果能与实验进行比较证明，这并不是抽象的理论。某些发展，像维特尼特理论，只是有纯数学方面的发展，一直没有实际应用，而研究应用数学的人认为，没有应用的数学简直要不得，这和纯数学是完全相反的看法。

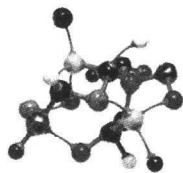
下面我讲讲数学现在有什么新的趋向。应用数学一直与力学合作，可是力学的工作做了几十年以后，大家都觉得没有什么事好做了。有许多像我这个岁数的人，其中有退了休的人说：“哦，我现在很高兴，我退休了，因为我所学的东西再也没有用了。”觉得这好像是一个解脱。大家都感觉到了数学所面临的问题。事实上，应用数学一直在收纳新的科学实验结果。我当初建立了流体力学、不稳定性湍流的一些理论，后来我做天文物理，这两者并不是完全没有关系，都跟数学有关，只是对象完全不同。物理这个尺度比我们平常的尺度要大 10^{20} 次方，而观测的结果不能用实验来管制，你只能观测自然现象如何，所以数学应用起来很不一致。

我们所做的工作一般都叫做林徐理论，这个徐是指徐遐生。徐遐生的父亲徐贤修也是清华校友。由于最近科技的发展，即红外线观测，已经证明林徐理论是对的，而其余和我们竞争的理论是不对的。所以，观测技术、实验技术对于科学的发展非常重要。现在生物学的实验结果非常之多，可以用数学方法来做，其中利用数

学最多的实验叫人类基因组计划。这个人类基因组计划在美国非常红，这两个星期刚刚公布了这件事，公共广播电台收录了两个钟头的录像带。这其中就提到，在麻省理工学院有一个很大的研究计划，计划进行到一半的时候，突然工业界有人说你们那个工作太慢了，我要来做，就加入进来。加入进来以后，他从做生意的角度着眼，把发现的结果都申请了专利，使得医药界很不高兴。结果克林顿总统出面为双方调和，双方当着克林顿先生的面握手言和，算是不吵了。

这个人类基因组计划花费了巨资，研究对象也非常之多。人类基因组中的每一个生物学的单位是 billions（数十亿），都用计算机给它录控出来。基因大概有几万个，也都一个一个给录控出来。事实上，基因的数目跟 DNA 相比，只有其 1.5%，所以研究 DNA 更重要，可人们又不知道这些 DNA 有什么功用。有人说这是没有用的东西，有人却不同意，认为这是一个新的发现、新的理论，所以大家没有统一的意见。如何了解这个人类基因组，一方面需要实验结果的分析，一方面需要有一定的理论。而生物学一向是缺乏理论根据的——物理学有很清楚的理论根据，然后推到物理化学，化学也有很清楚的理论根据——生物学的基本原则完全是缺乏的。所以，现在基因组分析可以用数学来做，用计算机一个一个地做出来。计算机与普通的分析数学不一样，它可以一个一个地表达出结果，不管有多少，它都能做出来。那么，如何从这个推论得到一般性的理论呢？这当然是一个很有挑战性的研究课题，由于这个课题对于医药界有极大的重要性，所以投入了大量的金钱。像刚才说的那个工业界和麻省理工学院合作的基因组计划，花钱都是数十亿美元。

现在，在美国的很多学校，数学系的学生好像没有目标，所以根本没有学生来读数学。于是他们就采取特



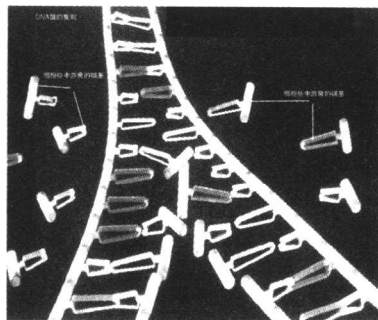
基因

殊的制度来鼓励学生读数学，像佛罗里达州立大学特别设计了一个生物信息方面的硕士学位计划进行招生，否则它招到的学生都只是中国清华大学的学生。

现在，在美国还有一个数学与分子生物学计划，这个计划是由美国科学院的一位杂志主编提倡的。美国科学院有一个很权威的杂志，现在几乎所有的文章都是关于生物学的，原来我们的文章曾经在这个杂志中发表过。现在，他们好像专门欢迎生物学的理论，每两个礼拜出一厚本，包括很多的生物学论文，其中也有计算分子生物学。这位主编是伯克利的一位分子生物学家，他要组织一个数学与分子生物学计划，就是希望数学家与生物学家合作。而他首先感兴趣的一个问题是什么呢？是一个很具体的拓扑问题。其中主要的东西是纽结理论，即拿绳子拴几串、几节、几圈，它是拓扑学中的一个特别的东西。为什么要研究这个问题呢？因为这与生物问题的关系非常密切。现在科学家发现所有的蛋白质分子都是一个长得不得了的链子，这个大链子有时候会拴起来。链子有一部分是 DNA，有一部分是基因，它们拴在一起。假设有个生化反应，拿一个酶一碰，它们拴在一起的地方就会重新连结，接口改变了，使得这个基因的作用就改变了，当然整个基因的性质就都变了。

所以，这个很微细的改动可以有一个很重要的结果，这是一个拓扑变化，其中包括几何分子定理，它是一个因为研究基因组而存在的定理。现在，由于有了基因计划，这个生物信息学学科被分作两段，一段叫作基因组信息学，一段叫作后基因组信息学。后基因组信息学是理论的一部分，当有了基因组信息学，有了那些数据后，我们就可以去发展理论，就叫作后基因组信息学。

在这以前，大家是用计算生物学和计算



DNA 双螺旋结构

数学来进行分析，把规律总结出来的。要了解这个规律

其实很简单，大家都学过微积分，三百年前牛顿是如何得到万有引力定律的？其中最要紧的是开普勒运动三定律。你看一个行星的运动，好像是行星绕着地球走动，里面的行星跟外面的行星走的轨迹不一样，一个圈圈再加一个圈圈，有很多个圈。可是你转变一下观念，让这些行星都绕着太阳转，结果就很简单。实际观念上有一个改变，但真正做



牛顿

这个数据分析时，你得把它画成太阳才行。现在就容易了，用计算机很快就做出来了，当年开普勒这些人一点一点地建立起理论是很困难的。可是无论如何，他们是先分析数据，从数据得出一个比较一般的、简单的规律：许多行星都以椭圆轨道绕着太阳转，然后牛顿把这个问题变成了数学问题，使它有一个数学的描述。可是它的含义是怎么得来呢？由于牛顿根据力学研究过加速度，所以他就把这个东西用加速度来分析，可是他分析的时候很难，因此他得先发明微分，促进一个新的数学发展。他需要发明无穷小、无穷大这几个概念，然后得到微分，再得到他的万有引力。有了微分方法，很快就可以得出万有引力定律。我们在大学一年级学习微积分的时候，是不是还学这个题目？我们那个时候是一定要学的。这个题目是应用数学的一个最标准的简单题目。

那么应用数学都有哪些应用呢？

第一是分析实验结果，第二是把分析的结果用数学方法推导出一个基本雏形，或至少是一个更普遍的原则，这就是应用数学。应用数学不是数学方法，数学方法只是应用数学方法，例如计算机或分析方法或渐进理论，这些都是数学方法，而不是应用数学本身，应用数学本身是牛顿当初做的解释。

现在，我们面对的这个生物学有许多经验性资料，

幸亏有计算机进行处理，所以数学与生物学发生关系的第一步就是处理数据，然后把它整理成像开普勒定律那么简单的结果。然后从这个简单的结果入手，你也许得发明一个新的数学，才能把它归纳成一个大的原则，他们现在给这一部分取了一个名字叫做后基因组信息学，这个后基因组信息学是什么呢？就是有了基因组计划，有那么多数据，我们当然是希望能得到一些一般性的原则，然后根据这一原则做出预测。牛顿在这方面成功了，他得到万有引力定律后，从万有引力定律再解微分方程，就把那个椭圆找出来了，原来万有引力是从椭圆来的，同时这个万有引力定律不只用在这里，而且用在更大的物体比如星系上。

我们过去与徐遐生合作研究星系，把牛顿定律应用在 10 亿颗星上，每一颗星的运动写成一个微分方程，那计算机现在只能做 100 万颗星，他要把 100 万颗中的每一颗星都拿来用计算机去算，算得的结果与我们用分析方法所得的结果一致，所以这对于我们是一个很重要的贡献。我们用分析方法的人，总觉得用计算的方法不是最好的办法，因为用计算方法得出的是特别的数据，和实验得出的数据一样，它不能说出最后的、一般性原则，但用分析方法却可以得到一般性原则。这两种方法是相辅相成的，不应该偏废哪一个，一定得两种方法都用。

面对生物学的挑战，我们应该如何发展一个理论的生物学？现在理论生物学这个名词很多人不愿意用，为什么呢？因为有一批人去年出过一个杂志《理论生物学》，结果他们说生物学是分子，分子是化学，化学是物理，必须应用量子力学，从量子力学开始往上算，结果再也得不出与实验相近的结果了，所以大家就觉得理论生物学是空中楼阁。现在，他们索性就叫生物信息学，不过实质上我们还是应该叫它为理论生物学。所以，这个

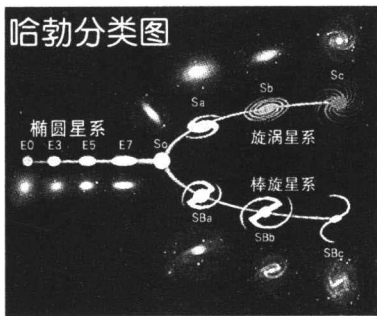
信息学至少可以有理论生物学一个方向，我们这里讨论的就是理论方向，那么讨论的对象是什么呢？

1974年，我和我的一个学生合写了一本书叫做《对于确定性模型的应用数学》。我的这个学生原来也是做应用数学的，他曾与我合写了一篇文章，以后我们决定他应该走另外一个方向，结果他就走到了生物方向上。现在他研究避孕，这种避孕的方法不需要做到分子，只需要做到化学，还是流体力学，流体力学加上化学再加上生物学中的东西，他一样可以用偏微分方程来做。

这是我们研究的一个螺旋星系，一个有螺旋型构造的星系，大家研究它好久了，观测数据也很多。这个研究第一步工作是成功地系统化，即哈勃分类。有个空间望远镜叫哈勃望远镜，就是来纪念哈勃的。这是哈勃七十多年前所做的分类，一直没人能够完全解释它，我们（除了徐遐生还有一些与我合作的人）花了几十年的时间找出一个办法来解释这个分类，就是用简单的、一般性的归属来解释。所以，生物学要研究蛋白质结构，也希望能够如此做下去。研究蛋白质结构的人已经说了，现在研究蛋白质结构第一步要做的是找出一个分类系统，当然他们就想到植物分类学、动物分类学的这种分类学，使用了一个大家不一定知道的词——分类学（taxonomy）。



螺旋星系



哈勃分类图

所以，在生物学方面第一步要做的也是分类。分类学就是在线数据组织成系统，然后做出分类。比如说通过哈勃分类知道星系有各种各样的形状，并研究它有什么样的基本系统，怎么一个相互关系，这是哈勃当时做出的一个伟大成果。这是一个不得了的工作，因为星系的情况乱得不得了，可是哈勃居然能整理出一个系

统。同时他用的数学很简单，比如他看到螺旋星系的缠卷，有的很紧，有的很宽，而所有很宽的星系都比较亮，这很奇怪，它背后的物理机制是什么？还有别的我不去提了。就是这样一个分类学应该存在于分子生物学中，这当然需要很多计算机水平很高并且有物理、数学基础的人。现在清华已经有好几位研究生物化学的人了。

我要提醒诸位，现在生物信息学是一个很有前途的学问。首先，它的问题很重要，所以你在解决了问题以后会有实际的效果。而且这个问题是一个基本问题，因为生命大家都要知道，都要懂得。并不是我一个人这样认为，2000年出版的一本书叫《后基因组信息学》，它认为现在在物理、化学和生物这三门科学中，只有生物学还缺乏数学分析、数学根据，没有一个演绎系统，所以现在大家最关注的事情就是如何发展出一个演绎系统，这个演绎系统就叫生物信息学。

我今天的一个主要目的就是提醒诸位，这是一个新的发展方向，很多人还没有想到，清华已经注意到这个方向，这是一个很有前途的发展方向，不管是在美国还是在清华都很有希望。我想中国人做这项工作很可能会超过其他国家，因为现在大家都是刚刚进入这个领域，大家的基础都一致，现在外面的资料在互联网上，大家都可以拿到。在美国，许多计算机程序都是找中国人和印度人编写的，美国本国的这种人才太少了，根本不够用。所以，这是一个很好的机会，不论是从基础科学还是从实际情况来看这都是一个很好的项目。

基因这种东西从单位来说并不是非常多，但生物却是非常复杂的。基因还有机会发展，有天才的人可以尽量去发展，一步一步地做下去就可以了解生命的来源，然后发展医药，用什么来治什么病。有些病只是在基因中错了四个基元，就变成了非常复杂的生命体。比如，有的人身体不能处理脂肪，那么吃的所有东西都受到影

响，这个基因跟正常的基因相比只差四个基元，所以这是一个非常复杂的现象。你要能够了解这个现象，从大到小研究基元。既然发现基因这么复杂，我们该怎么办呢？人的基因太复杂了，所以有人就先研究真菌。我在麻省理工学院碰到一个上海华东师范的中国人，他在英国剑桥大学拿到一个博士学位，然后在麻省理工学院工作，他就认为应该先研究简单的事实。所以，这个可能发展的方向是很多、很具体的。

我不大喜欢生命科学（life science）这个名词，因为我觉得说生物（biology）比较具体，生命科学是研究捕食与被捕食的关系，野生动物、植物中的竞争、消亡等。研究生物已经够复杂的了。所有应用数学的人对这个基础科学都很关注，例如，美国工业与应用数学学会的主席（我的一个同事）去年已经开始筹建一个生命科学的小组。所以这个行业在 21 世纪是非常值得人们关注的。

问：请您谈一下和这些东西有密切联系的混沌理论，尤其是它现在的发展趋势。

林：我最近讨论了很多关于混沌理论、湍流的问题，还有从层流过度到湍流的问题，我们那边有很多的争议，各派的意见不同。我写了一篇文章来解释为什么会出现争议，为什么这些争议是不必要的。混沌理论是另外一种研究方法，至于它能得到一个什么结果，我还没看出来。

问：您刚才说到的那个生物学感觉和凝聚态物理有很多相似的地方，它属于数据原始积累的过程，因为很多数据需要处理，而且在实验的过程中，有很多需要个案处理，那么在这种情况下，可不可能在一定时间内找到一套比较普遍适用的理论呢？

林：这是大家的希望。

问：那您认为这个可能的时间有多长？

林：这要看有多少经费来支持。就像我刚刚提到的美国总统出面来调解的这两派，工业界出几十亿美元的资金找好多人来推动进程，可是我觉得这种做法存在许多问题。我随便想了一下，假设不是有特殊的规则的话，会去找很多人来做，其实找很多人来做并不是最有效率的做法，用了很多的人力资源并不见得是最好的工作。主要还是要年轻人进入到这个领域，因为做分析数据不需要特别的才能，当然也需要有个人的思想，就像开普勒那样的思维，行星要绕着太阳走，不要老绕着地球走。生物研究钱用得越多，做的人越多，进度就越快。然后需要的就是才能了。所以，我随便估计一下，现在同时做理论和分析，30年后也许实验的结果就分析得差不多了，50年以后理论就出来了。

问：您预计在今后的10年内，生物学最能得到数学哪一块领域的技术支持，或者数学的机械逻辑性能在生物学的哪个方面得到实现？也就是说生物和数学这两个学科最完美的结合点在哪里？

林：生物学与数学50年以后可能完全配合起来，那时这个学科将会变成普通物理化学的样子。但是未来的事情没法预测，因为这个基本问题的数据非常多，要整理出一个原则、理论进行推测并与实际比较，当然需要很多功夫。但这个事情是很复杂的，是不是存在这种理论还要打个问号。