

# 生物动力学模型 与计算机仿真

桂占吉 著

C.2



科学出版社  
[www.sciencep.com](http://www.sciencep.com)

# 生物动力学模型与 计算机仿真

桂占吉 著

科学出版社

北京

## 内 容 简 介

本书介绍了生物动力学模型的研究方法和一些新的进展. 全书共有七章, 第一章介绍了简单种群模型, 通过这些模型介绍了一些计算机数值仿真程序, 所给出的源程序可以广泛应用到其他具体问题的研究中. 第二章介绍了具有两个生命阶段和三个生命阶段结构的种群模型. 第三章介绍了自治和非自治扩散的种群模型, 还考虑了时滞的影响. 第四、第五章介绍了用非线性泛函分析中的拓扑度理论和不动点定理研究种群生态模型的方法. 第六、第七章概述了脉冲微分方程理论, 并且介绍了这些理论在种群动力学模型和传染病动力学模型中的应用.

本书可供高等学校数学、生物学专业的高年级学生及研究生阅读, 还可以作为从事生物数学研究的教师及相关科学研究工作者的教学与科研的参考书.

### 图书在版编目(CIP)数据

生物动力学模型与计算机仿真/桂占吉 著. —北京: 科学出版社, 2005  
ISBN 7-03-015706-0

I. 生… II. 桂… III. 生物学: 动力学 - 计算机仿真 IV. Q66

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2005) 第 062778 号

责任编辑: 陈 露 吕 虹 / 责任校对: 陈玉凤  
责任印制: 朱 奇 / 封面设计: 黄华斌

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>

江苏省句容市游印厂印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

\*

2005 年 7 月第 一 版 开本: B5(720×1000)  
2005 年 7 月第一次印刷 印张: 13  
印数: 1—3 200 字数: 245 000

定价: 28.00 元

# 前 言

动力学方法在物理学中的应用已是人们熟悉而常见的方法,这种方法是否适用于研究生命现象,已早在 100 多年前就有人开始作过这方面的尝试. 1925 年,意大利生物学家 D'Ancona 提出了著名的地中海鲨鱼问题,数学家 Volterra 成功地用动力学方法解决这个问题. 从此动力学方法在生物学中得到了广泛的应用,同时在应用中,动力学理论也得到了丰富和发展. 在陈兰荪教授的组织 and 推动下,在我国青年科学家和学者的不懈努力下,我国生物数学的研究取得了一些世界领先的研究成果. 在 1997 年国际生物数学会议上,美国科学院院士 Levin 称中国是世界重要的生物数学研究中心.

国内外已经出版的同类书籍一般是建立在定性理论和稳定性理论这个框架基础上的,这些专著为生物数学的发展起到了重要推动作用. 在国内外产生了深远的影响. 在近 10 年中,生物数学又取得了巨大进展,非线性分析的方法在生物动力系统中得到了广泛应用,如拓扑度理论中的 Mawhin 重合度定理, $k$  集压缩算子的抽象连续定理在种群动力学模型研究中起到了重要作用. 种群动力学中还有许多脉冲现象,因此脉冲效应下的种群动力学模型的研究已经成为目前生物数学研究的一个热点问题,受到广泛关注. 本书力图反映这方面的新成果.

全书共有七章,第一章介绍了简单种群模型,这些模型都是比较经典的种群模型. 在介绍这些模型时我们还结合模型介绍了一些计算机数值仿真程序,这些程序是用 Mathematica, Matlab 或 Maple 软件编写的,所给出的源程序可以广泛应用到其他动力学模型的研究中. 第二章介绍了年龄结构的种群动力系统,我们知道许多种群可以分成幼年和成年种群. 这一章探讨了具有两个生命阶段和三个生命阶段结构的种群模型. 随着经济的发展,野生动物的整个生存环境被公路、铁路等分割成许多斑块,形成生态斑块环境,野生动物可以在这些斑块中扩散. 在野生动物保护过程中,人们常采用扩散的方法让即将灭绝的种群迁移生存环境或提供避难的场所,达到保护野生动物的目的. 本书在第三章中介绍了自治和非自治扩散的种群模型,还考虑了时滞的影响. 第四、第五章介绍了用非线性泛函分析中的拓扑度理论和不动点定理研究种群生态模型的方法. 第六章概述了脉冲微分方程的基本理论,并且介绍了把这些理论应用于种群动力学模型研究的方法.

第七章简要介绍了传染病动力学模型的研究方法,其中包括脉冲效应下的传染病动力学模型.

作者长期从事非线性系统的理论与应用研究,本书根据自己多年的研究成果并且借鉴国内外已有资料和前人成果撰写的.希望本书能为科研工作者,研究生以及高年级本科生提供可以借鉴的研究方法.对于相关的研究生以及高年级本科生,通过阅读本书或其中的某些内容,可利用书中介绍的研究方法帮助完成毕业论文.书中第一章的内容可供有关参加全国大学生数学建模竞赛的学生参考.由于篇幅限制,无法做到把所有的最新进展都在本书中介绍,只能介绍基本的和主要的部分,而不把所有的结论一一罗列出来,仅以参考文献作为补充.

在本书完稿过程中,得到了中国科学院数学与系统科学研究院陈兰荪教授的指导和鼓励.他的学生中国科学院计算机网络信息中心陆中华研究员,鞍山师范学院刘兵博士和广西工学院惠静博士分别提供了其中部分章节的素材.我的导师北京理工大学应用数学系首席教授葛渭高先生也给我提供了一些有价值的资料并且给予了具体的指导.这些帮助使我受益匪浅,在此表示衷心感谢.同时也十分感谢生物数学界的同行专家对作者的关怀和支持.感谢海南师范大学出版基金和海南省自然科学基金(80402)的资助.

限于作者水平,书中难免有错误和不妥之处,所引用的结果和文献也会有所遗漏,恳请广大读者的批评指正.

作 者

2005年4月13日

# 目 录

<b>第一章 简单种群模型</b> .....	1
§1.1 人口模型 .....	1
§1.2 监测胎儿生长发育的 Logistic 模型与数值仿真.....	6
§1.3 Logistic 模型的差分形式及其数值仿真.....	9
§1.4 地中海鲨鱼模型与数值仿真 .....	16
<b>第二章 年龄结构的种群模型</b> .....	22
§2.1 导言 .....	22
§2.2 具有年龄结构的自治的捕食-被捕食模型 .....	24
§2.3 具有时滞和年龄结构的捕食-被捕食模型 .....	29
§2.4 非自治三个阶段结构的单种群模型 .....	35
<b>第三章 具有扩散的种群模型</b> .....	43
§3.1 扩散的种群模型综述 .....	43
§3.2 捕食与被捕食 Lotka-Volterra 扩散模型.....	45
§3.3 具有扩散和时滞的捕食与被捕食系统.....	55
§3.4 两种群非自治扩散竞争模型 .....	70
<b>第四章 种群模型中的拓扑度方法</b> .....	80
§4.1 $k$ 集压缩算子理论证明正周期解的存在性.....	80
§4.2 中立型时滞 Logistic 种群模型的正周期解存在性 .....	86
§4.3 Mawhin 的延拓定理证明周期解的存在性.....	93
<b>第五章 不动点定理研究时滞种群模型的周期解</b> .....	100
§5.1 导言 .....	100
§5.2 Horn 不动点定理研究时滞种群模型的周期解 .....	101
§5.3 Schauder 不动点定理研究中立型模型的周期解.....	104
§5.4 Horn 不动点定理研究竞争系统周期解的存在性.....	107
§5.5 用 Schauder 不动点定理研究协作关系的种群模型 .....	112

---

<b>第六章 具有脉冲的种群动力学模型</b> .....	117
§6.1 导言 .....	117
§6.2 脉冲种群动力学模型研究的常用理论 .....	118
§6.3 害虫-天敌种群动力系统的脉冲杀虫控制 .....	131
§6.4 具有脉冲效应的周期 Lotka-Volterra 竞争系统 .....	140
§6.5 具有脉冲效应的周期捕食-被捕食系统的周期解 .....	155
<b>第七章 传染病动力学模型及脉冲控制及数值仿真</b> .....	160
§7.1 导言 .....	160
§7.2 常数接种的 SIR 模型 .....	162
§7.3 具有非线性传染率的 SIR 流行病的脉冲接种策略 .....	164
§7.4 垂直传染与水平传染并行的流行病脉冲免疫控制模型 .....	172
<b>参考文献</b> .....	189

# 第一章 简单种群模型

## §1.1 人口模型

### 1.1.1 Malthus 模型

动力学方法在物理学中已是人们熟悉而常见的方法, 这个方法是否适合于用来研究某些生命现象? 早在 100 多年前就有人开始作这方面的尝试. 最早的典型例子是 Malthus (1766~1834 年) 人口模型. 他在 1788 年出版了《人口论》一书, 宣称人类的贫穷与贫困是无法避免的. 他认为人口按几何级数递增, 生活资料却按算术级数递增; 饥荒和瘟疫是遏制人口过分增长的主要因素. 他根据百余年的人口统计资料, 提出了著名的人口指数增长模型. 由于人口的演化是一个相当复杂的过程, 为建模的方便, 给出如下假设:

1. 忽略人群个体之间的差异;
2. 人口随时间增减的变化过程可以认为是连续的, 并且是充分光滑的;
3. 不存在迁出和外来的迁入, 只考虑人口的自然繁殖和死亡;
4. 从一个大的总体来考虑人口的繁殖和死亡过程的平均效应;
5. 人口的增长过程是平稳的, 与时间没有关系;
6. 每个人的增殖过程是独立的, 即与群体的总数无关.

假设时刻  $t$  群体的人口总数为  $N(t)$ , 由假设它是连续的, 而且充分光滑. 考虑在很小的时间段  $[t, t + \Delta t]$  内群体总数的变化量, 由假设 3, 群体人口的改变量  $N(t + \Delta t) - N(t)$  应该等于这个时间段内出生的个体总数  $B(t, \Delta t, N)$  与死亡个体的总数  $D(t, \Delta t, N)$  之差

$$N(t + \Delta t) - N(t) = B(t, \Delta t, N) - D(t, \Delta t, N). \quad (1.1)$$

对于人群的每一个个体来说, 生殖或死亡都是随机发生的. 当群体的规模足够大时, 每个个体的死亡率和生殖率可以由死亡总数和生殖总数与群体总数的比值  $b(t, \Delta t, N)$ ,  $d(t, \Delta t, N)$  来估计. 他可以理解为每个个体平均死亡和生殖的比率. 故 (1.1) 式可以写成

$$N(t + \Delta t) - N(t) = [b(t, \Delta t, N) - d(t, \Delta t, N)]N(t). \quad (1.2)$$

注意到光滑性以及 (1.2) 式中当  $\Delta t = 0$  时等于 0 的性质, 将式的右端 Taylor 展开为



$$N(t + \Delta t) - N(t) = r(t, N)N(t)\Delta t + o(\Delta t), \quad (1.3)$$

其中  $o(\Delta t)$  是  $\Delta t$  的高阶无穷小. 用  $\Delta t$  除 (1.3) 式的两端, 令  $\Delta t \rightarrow 0$  就可以得到如下的人口增长模型

$$\frac{dN(t)}{dt} = r(t, N)N(t).$$

由假设 5 和 6 可知参数  $r(t, N)$  不依赖于  $t$  和  $N$ , 于是有

$$\frac{dN(t)}{dt} = rN(t). \quad (1.4)$$

这就是 Malthus 人口模型. 方程 (1.4) 的解为

$$N(t) = Ae^{rt},$$

其中  $A$  为任意常数. 设初值条件为  $t = 0$  时,  $N(0) = N_0$ . 由上式得

$$N(t) = N_0e^{rt}.$$

如果取  $t = 0, 1, 2, \dots$ , 则对应的  $N(t)$  为

$$N_0, N_0e^r, N_0e^{2r}, N_0e^{3r}, \dots$$

这是公比为  $e^r$  的几何级数. Malthus 认为人口按几何级数增加的结论就是来源于此. 表 1.1 列出了美国 19~20 世纪的人口统计数据. 可以用 Mathematica 软件画出数据点图, 见图 1.1 和图 1.2. 我们用 Malthus 模型来描述美国人口的发展趋势, 用计算机进行数据拟合, 得到拟合曲线如图 1.1. 从图中可见此模型对 1910 年以前的数据拟合的非常好, 而以后产生了很大的偏差. 图 1.1 支持了一个传统的观点, 即 Malthus 人口模型与 19 世纪以前欧洲一些国家和地区的人口统计数据可以很好的吻合, 此后具有很大的偏差.

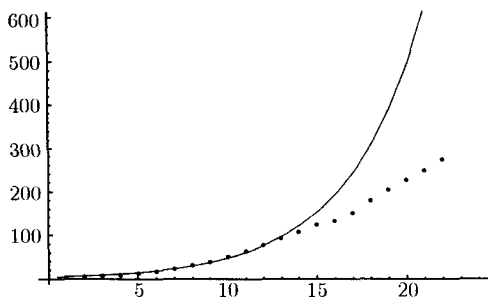


图 1.1 Malthus 模型

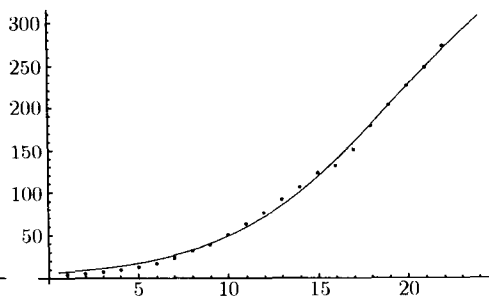


图 1.2 Logistic 模型

表 1.1 美国的实际人口与按两种模型计算的人口的比较

年	时间 序列	实际人口 ( $\times 10^6$ )	Malthus 模型		Logistic 模型	
			( $\times 10^6$ )	误差 (%)	( $\times 10^6$ )	误差 (%)
1790	1	3.9	4.903	25.718	7.343	88.288
1800	2	5.3	6.326	19.358	9.125	72.170
1810	3	7.2	8.162	13.361	11.326	57.310
1820	4	9.6	10.530	9.688	14.040	46.250
1830	5	12.9	13.586	5.318	17.376	39.376
1840	6	17.1	17.528	2.503	21.462	25.509
1850	7	23.2	22.614	-2.526	26.445	13.987
1860	8	31.4	29.177	-7.080	32.489	3.468
1870	9	38.6	37.644	-2.477	39.771	3.034
1880	10	50.2	48.567	-3.253	48.478	-3.430
1890	11	62.9	62.660	5.978	58.792	-6.531
1900	12	76.0	80.844	6.374	70.873	-6.746
1910	13	92.0	104.304	13.374	84.841	-7.782
1920	14	106.5	120.187	12.852	100.752	-5.397
1930	15	123.2	151.670	23.109	118.570	-3.758
1940	16	131.7	191.400	45.330	138.144	4.893
1950	17	150.7	241.537	60.277	159.202	5.642
1960	18	179.3	304.807	69.998	181.353	1.145
1970	19	204.0	384.651	88.554	204.109	0.053
1980	20	226.5	485.410	114.309	226.921	0.186
1990	21	248.8	612.563	146.207	249.243	0.178
2000	22	274.0	773.024	182.126	270.568	-1.25

### 1.1.2 Logistic 模型与数值仿真

根据 Malthus 模型可以得到人口呈指数无穷增长的论述, 这个人口模型是十分粗糙的. Malthus 没有考虑环境的因素, 实际上人所生存的环境中资源不是无限的, 因而人口的增长也不可能是无限的. 于是 1938 年 Verhulst 提出用 Logistic 模型

$$\frac{dx}{dt} = rx \left( 1 - \frac{x}{K} \right) \quad (1.5)$$

来描述人口或其他生物种群的增长, 这里参数  $r$  就是 Malthus 模型中描述的种群的内禀增长率,  $K$  为环境的容纳量 ( $K > 0$ ), 也就是在所考虑的环境中最多能允许生存的种群数量 (或密度). 我们把 (1.5) 式表示的模型称为 Logistic 模型. 当  $t = 0$  时, 设  $N = N_0$ , 则由 (1.5) 式可以得到

$$N(t) = \frac{K}{1 + \left( \frac{K}{N_0} - 1 \right) e^{-rt}}$$

这是模型 (1.5) 满足初值条件  $N(0) = N_0$  的解. 这个模型在人口预测、生态环境、经济领域都有很好的应用. 例如, 某牧场所能供养的羊的最大数目是 25 千只, 内禀增长率为 0.86685, 则此牧场羊群增长模型为<sup>[1]</sup>

$$\frac{dx}{dt} = 0.86685x \left(1 - \frac{x}{25}\right). \quad (1.6)$$

我们借助 Mathematica 软件绘制向量场图:

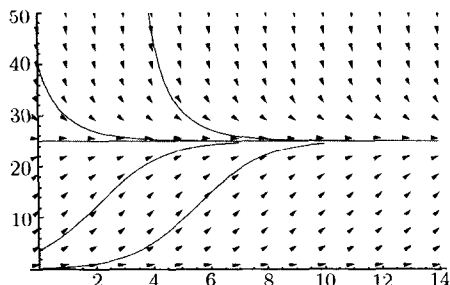


图 1.3 向量场图与解曲线图

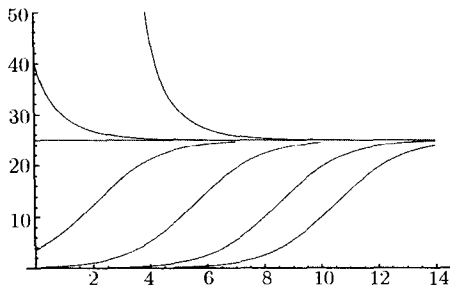


图 1.4 Logistic 模型的解曲线图

我们用 Mathematica 画出上述解曲线图的计算机程序为

```
<< Graphics`Graphics`
c = PlotVectorField[{1, 0.86685y * (1 - y/25)}, {x, 0, 14}, {y, 1, 50}]
a1 = NDSolve[{y'[x] == 0.86685y[x] * (1 - y[x]/25),
y[0] == 0.2}, y, {x, 0, 10}]
b1 = Plot[Evaluate[y[x]/.a1], {x, 0, 10}]
Show[b1, c, b2, b3, b4, b5, PlotRange -> {0, 50}]
```

其中 a1, b1 这两个程序可以画出初值为  $N(0) = 0.2$  的一条曲线. 类似地我们可以画出初值为  $N(0) = 3.6$ ,  $N(0) = 25$ ,  $N(0) = 40$ ,  $N(4) = 40$  的曲线, 在同一个坐标系中显示的图型记为图 1.3 和图 1.4. 图中可以看出, 存在一个正的平衡态  $x = K$ , 使种群数量 (或密度) 将始终保持稳定在  $x = K$  的水平.

下面我们用 Logistic 模型研究表 1.1 美国人口的数据拟合. 我们可以用 Mathematica 软件得到预测方程为

$$x = \frac{413.0395408173527}{1 + 68.94917640629102e^{-0.22157952505960368t}}. \quad (1.7)$$

我们用 Mathematica 软件可以画出数值仿真曲线图 1.2. 具体的计算机程序为

```
<< Statistics`NonlinearFit`
data = {{1, 3.9}, {2, 5.3}, {3, 7.2}, {4, 9.6}, {5, 12.9}, {6, 17.1},
```

```

{7, 23.2}, {8, 31.4}, {9, 38.6}, {10, 50.2}, {11, 62.9}, {12, 76.0},
{13, 92.0}, {14, 106.5}, {15, 123.2}, {16, 131.7}, {17, 150.7},
{18, 179.3}, {19, 204.0}, {20, 226.5}, {21, 248.8}, {22, 274.0}];
NonlinearRegress[data, K/(1 +  $\alpha * e^{-r*t}$ ), t, {K,  $\alpha$ , r}]
d = ListPlot[data, Prolog  $\rightarrow$  AbsolutePointSize[3]]
b = NonlinearFit[data, K/(1 +  $\alpha * e^{-r*t}$ ), t, {K,  $\alpha$ , r}]
q = Plot[%, {x, 0.5, 24}]

```

上述计算机程序还可以直接得到模型的预测值，我们把它们也列入表 1.1，从图 1.2 可以看出 Logistic 模型更符合美国人口的发展趋势。

下面我们利用 Mathematica 软件给出美国人口预测曲线的置信区域图 1.5。接上面的计算机程序，继续写下去。

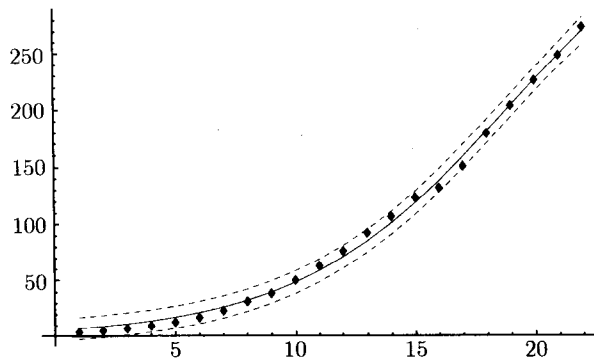


图 1.5 置信区域图

```

regress = NonlinearRegress[data, K/(1 +  $\alpha * e^{-r*t}$ ), t, {K,  $\alpha$ , r},
RegressionReport  $\rightarrow$  {FitResiduals, SinglePredictionCITable,
ParameterConfidenceRegion}]
errors = FitResiduals/.regress
{observed, predicted, se, ci} =
Transpose[(SinglePredictionCITable/.regress)[[1]]];
ListPlot[Transpose[{predicted, errors}]]
(xval = Map[First, data];
predicted = Transpose[xval, predicted];

```

```

lowerCI = Transpose[xval, Map[First, ci]];
upperCI = Transpose[xval, Map[Last, ci]];
<< Graphics'MultipleListPlot'
MultipleListPlot[data, predicted, lowerCI, upperCI,
SymbolShape → {PlotSymbol[Diamond], None, None, None},
PlotJoined → {False, True, True, True},
PlotStyle → {Automatic, Automatic, Dashing[ {.01, .01}],
Dashing[ {.01, .01}]]]

```

程序执行的中间结果就省略了，最后得到图 1.5.

## §1.2 监测胎儿生长发育的 Logistic 模型与数值仿真

### 1.2.1 引言

在现代妇产科学中，及时而准确地了解胎儿宫内发育是一个十分重要的课题，自 20 世纪 60 年代中期开始把超声诊断技术应用于妇产科，通过测量胎儿的各项生物指标来预测胎儿体重。用这种方法辅助临床判断胎儿生长发育情况，一方面对子宫内胎儿发育迟缓 (IUGR) 做出诊断，另一方面对成熟胎儿决定分娩时间和方式提供参考依据。因此正确预测胎儿体重在围产医学中有重要意义。文献报道的超声预测胎儿体重的生物指标很多，比较常用的有腹围、双顶径和股骨长。有人认为小脑横径与胎儿体重有较好的相关性。但是这种方法的缺点是在妊娠晚期胎头完全入盆或先露最低点达坐骨棘水平以下时，测量值的准确性将受到影响。很多文献的研究均利用线性回归方法，得出的各种回归方程均是直线方程。但是，现实世界中严格的线性模型并不多见，它们或多或少都带有某种程度的非线性，在不少情况下，非线性模型可能更加符合实际<sup>[2~4]</sup>，下面介绍这些研究结果。

#### 1. 资料与方法

对需要终止的妊娠，我们从中选择妊娠 20~32 周的孕妇，由专人在引产前用 B 型超声法测量胎儿的股骨长、双顶径。腹围测量采用文献 [4] 的方法：于胎儿上腹部脐水平与脊柱垂直的部位横切。断面为圆形或椭圆形时，测得其前后径及横径。测量定点均取其最外侧边缘，且前后径和横径要互相垂直。以  $2.22\sqrt{a^2 + b^2}$  计算腹围<sup>[3,4]</sup>，其中  $a$  表示前后径、 $b$  表示横径。引产后，实测胎儿体重。对于 36、40 周的胎儿的数据可以通过在产前测量股骨长、双顶径、腹围，产后测量胎儿体重。对于不同的孕周，我们共测量了 516 例胎儿生物指标，把相应的数据列于表 1.2.

表 1.2 生物指标数据的平均值

孕周	例数	股骨长 (cm)	双顶径 (cm)	腹围 (cm)	胎儿体重 (g)
20	82	3.35	4.48	14.80	310
24	86	4.36	6.05	18.74	700
28	75	5.35	7.24	22.86	1160
32	73	6.20	8.17	26.26	1800
36	94	6.95	8.81	29.50	2680
40	106	7.41	9.28	31.15	3200

## 2. 回顾性分析

从 1998 年 1 月 ~ 2002 年 2 月对孕周 15~42 周的 516 例测量了胎儿的股骨长、双顶径和腹围以及胎儿体重的数据. 用 Logistic 模型来分别描述胎儿体重与股骨长、双顶径和腹围之间的关系, 分别得到股骨长、双顶径、腹围的单指标预测体重的非线性回归方程.

## 3. 前瞻性验证

2001 年 8 月 ~ 2002 年 2 月对入院分娩的孕周 38~42 的单胎孕妇 120 例, 用得到的回归方程进行临床验证. 计算下列指标:

绝对误差 = | 实际体重 - 预测体重 |;

相对误差 = 绝对误差 ÷ 实际体重 × 100%.

预测体重与实际体重的符合标准为 < 250g.

### 1.2.2 模型与数值仿真

从表 1.1 中取出腹围与胎儿体重数据组, 利用 Mathematica 软件画出数据点图 (见图 1.6). 其计算机程序为

```
data = {{14.80, 310}, {18.74, 700}, {22.86, 1160}, {26.26, 1800},
        {29.50, 2680}, {31.15, 3200}};
tul = ListPlot[data];
```

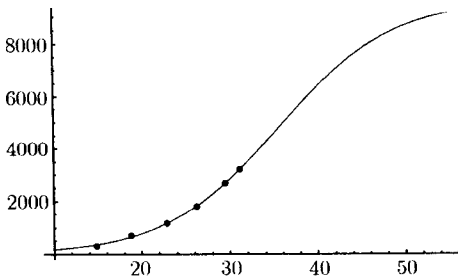


图 1.6 点图与解曲线图

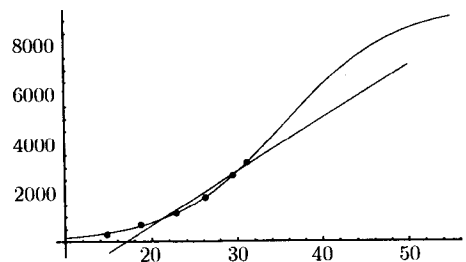


图 1.7 直线与 Logistic 模型的比较

经分析数据点图以及医学临床经验可知, 胎儿在子宫的生长发育的特点是起初胎儿体重增长速度是缓慢的, 妊娠 13 周前无明显变化. 妊娠 13 周后体重增长速度逐渐加快, 妊娠中期胎儿体重迅速增加<sup>[3]</sup>, 各种生物指标增加的速度也很明显, 到了妊娠晚期增长速度又趋于平稳, 具有增长的极限. 利用微分方程建模, 胎儿腹围与体重之间的关系应满足 Logistic 方程

$$\begin{cases} \frac{dy}{dx} = \gamma \left(1 - \frac{y}{\alpha}\right) y, \\ y(0) = y_0. \end{cases} \quad (1.8)$$

由此可得 Logistic 模型为

$$y = \frac{\alpha}{1 + \beta e^{-\gamma x}}, \quad (1.9)$$

其中  $x$  表示腹围,  $y$  表示胎儿体重. 由 Logistic 模型 (1.9) 和 Mathematica 软件可以得到非线性回归方程为

$$y_1 = \frac{9616.5256}{1 + 256.32477e^{-0.15570869x}}. \quad (1.10)$$

上式表示的曲线可以画在图 1.6 和图 1.7 中. 文献 [2] 给出了腹围与胎儿体重的直线回归方程为

$$y_{10} = 218.3x - 3699.2. \quad (1.11)$$

此直线也画在图 1.6 中. 从图 1.6 也可以看出文献 [2] 的研究结果无法与本书介绍的结果相比. 文献 [2] 还分别给出了胎儿的双顶径、股骨长与体重的直线回归方程相关系数, 我们把直线方程相关系数及非线性方程相关系数和残差平方和列于表 1.3.

表 1.3 相关系数和残差平方和

模 型	腹围与体重	双顶径与体重	股骨长与体重
直线回归方程相关系数	0.86679	0.56478	0.51305
非线性回归方程相关系数	0.999747	0.998959	0.99999
非线性回归方程残差平方和	5710.59	23489.1	7272.91

为了进一步与文献 [2] 的结果比较, 我们用 Logistic 模型研究表 1.2 中双顶径与体重之间的关系, 还研究了表 1.2 中股骨长与体重之间关系, 建立非线性回归方程如下

$$y_2 = \frac{24744.6}{1 + 1006.52e^{-0.540692x_2}}, \quad (1.12)$$

$x_2$  表示双顶径,  $y_2$  表示胎儿体重.

$$y_3 = \frac{8376.37}{1 + 208.124e^{-0.646593x_3}}, \quad (1.13)$$

$x_3$  表示股骨长,  $y_3$  表示胎儿体重. 我们把相关系数列于表 1.3. 以上的讨论均为单指标模型, 用 Logistic 模型来分别描述胎儿体重与股骨长、双顶径和腹围之间的关系, 利用 Mathematica 软件分别得到股骨长、双顶径、腹围的单指标预测体重的回归方程 (1.10), (1.12), (1.13). 由表 1.3 可知, 这些回归方程均明显优于文献 [2] 的直线回归方程. 它们之间比较, 差不多一样好. 前瞻性对 120 例胎儿预测其体重并且与胎儿出生实际体重比较, 结果也很好. 过去人们也发现了一些生物指标如腹围的增大在整个孕期为非直线关系 (见文献 [3], [4]). 但是目前在预测胎儿体重中, 国内的研究一直是用直线回归来近似地解决非线性问题. 本节的研究改进了过去一系列预测胎儿体重的线性回归方法, 具有重要的临床实用价值.

## §1.3 Logistic 模型的差分形式及其数值仿真

### 1.3.1 Logistic 增长模型的差分形式

假设当前 (即  $t = 0$  时) 种群数量为  $x_0$ , 设其在有限生存空间中种群数量的最大容量为  $x_m$ , 则未来任意  $t$  时刻种群的数量  $x(t)$  就满足 Logistic 增长模型

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = rx \left(1 - \frac{x}{x_m}\right), \\ x(0) = x_0. \end{cases} \quad (1.14)$$

对生物种群, 常用繁殖周期作为时段来研究其增长规律, 这比用连续时间更符合实际. 将方程 (1.14) 中的微分用差分形式表示<sup>[5]</sup>, 则得出 Logistic 增长模型的差分形式为

$$x_{k+1} - x_k = rx_k \left(1 - \frac{x_k}{x_m}\right), \quad k = 0, 1, 2, \dots, \quad (1.15)$$

将 (1.15) 式进一步改写为

$$x_{k+1} = (r+1)x_k \left[1 - \frac{r}{(r+1)x_m}x_k\right]. \quad (1.16)$$

再令  $b = r+1, y_k = \frac{r}{(r+1)x_m}x_k$ , 于是 (1.16) 式便简化为

$$y_{k+1} = by_k(1 - y_k), \quad k = 0, 1, 2, \dots, \quad (1.17)$$

这是一阶非线性差分方程. 在利用 (1.17) 式进行预测时没有必要找出方程 (1.17) 的一般解, 因为给定初值  $x_0$  后可以方便地由 (1.17) 递推地算出  $x_k, k = 0, 1, 2, \dots$ .



### 1.3.2 Logistic 模型的差分形式的稳定性与倍周期收敛

在应用差分形式的阻滞增长模型 (1.15) 或 (1.17) 时, 人们最关心的通常是  $k \rightarrow \infty$  时,  $x_k$  或  $y_k$  的收敛情况, 即方程平衡点的稳定性问题. 由微分方程的稳定性理论容易得出, 对于微分方程形式的 Logistic 阻滞增长模型 (1.14),  $x^* = x_m$  是稳定平衡点,  $x_0 = 0$  是不稳定平衡点, 即不论  $r(> 0)$  或  $x_m(> 0)$  为何值, 都有当  $t \rightarrow \infty$  时,  $x(t) \rightarrow x_m$ . 但对于差分形式的 Logistic 增长模型 (1.14) 或 (1.17) 的稳定性却随固有增长率  $r$  的变化而变化. 根据非线性差分方程平衡点稳定性的判定方法, 解代数方程:

$$y = f(y) = by(1 - y), \quad (1.18)$$

得到 (1.17) 的平衡点为  $y^* = 0$  和  $y^* = 1 - \frac{1}{b}$ , 由  $r > 0$  可知  $b > 1$ . 容易验证, 不论  $b > 1$  为何值  $y^* = 0$  都是差分方程 (1.17) 的一个不稳定平衡点. 对于  $y^* = 1 - \frac{1}{b}$ , 由于  $f'(y^*) = b(1 - 2y^*) = 2 - b$ , 根据稳定性条件  $|f'(y^*)| = |2 - b| < 1$ , 得到仅当  $1 < b < 3$  时,  $y^* = 1 - \frac{1}{b}$  是差分方程 (1.17) 的稳定平衡点. 当  $b > 3$  时, 对差分方程 (1.17) 进行试算, 则容易发现  $y^* = 1 - \frac{1}{b}$  不再稳定, 且当  $b$  比 3 大得不太多时, 虽然序列  $\{y_k\}$  不再收敛于  $1 - \frac{1}{b}$ , 但是出现了两个子序列的收敛点  $y_1^*$  和  $y_2^*$ , 当  $t \rightarrow \infty$  时,  $y_{2k} \rightarrow y_1^*$ ,  $y_{2k+1} \rightarrow y_2^*$ . 称  $y_k \rightarrow y^* = 1 - \frac{1}{b}$  是单周期收敛 (如生物种群繁殖的周期), 称  $y_{2k} \rightarrow y_1^*$ ,  $y_{2k+1} \rightarrow y_2^*$  为 2 倍周期收敛. 讨论 2 倍周期收敛需考察序列

$$y_{k+2} = f(y_{k+1}) = f(f(y_k)). \quad (1.19)$$

于是对于差分方程 (1.17) 由代数方程

$$y = f(f(y)) = b \cdot by(1 - y)[1 - by(1 - y)] \quad (1.20)$$

解得零点和原来的  $y^* = 1 - \frac{1}{b}$  仍是式 (1.19) 的平衡点. 此外, 满足

$$y_1^* = f(y_2^*), \quad y_2^* = f(y_1^*)$$

的点  $y_1^*, y_2^*$  也是 (1.19) 的平衡点,  $y_1^*, y_2^*$  可由 (1.20) 解得

$$y_{1,2}^* = \frac{b + 1 \mp \sqrt{b^2 - 2b - 3}}{2b}. \quad (1.21)$$

不难验证当  $b > 3$  时, 有  $0 < y_1^* < y^* < y_2^* < 1$ . 下面在  $b > 3$  下讨论这些平衡点的稳定性.  $y^*$  显然是不稳定的. 对于  $y_1^*$  和  $y_2^*$ , 因为

$$(f(f(y)))'|_{y=y_1^*} = f'(y_2^*)f'(y_1^*), \quad (f(f(y)))'|_{y=y_2^*} = f'(y_1^*)f'(y_2^*),$$