



中国科学院研究生教学丛书



生物数学

徐克学 著

科学出版社

中国科学院研究生教学丛书

生物数学

徐克学 著

科学出版社

内 容 简 介

本书为中国科学院研究生教学丛书之一。

生物数学是 20 世纪生物学飞速发展中产生的一门新兴边缘学科。生物数学的基本理论与方法对当代生物学的发展产生重大影响,并在生物学有关领域得到广泛应用。本书对生物数学的发展历史、基本原理、数学方法及其在生物学各领域中的应用作了比较系统的介绍。书中部分内容出自著者的科研和教学成果,如演化集合论、二元数据的数据处理和计算方法、生物信息论中的离散论、马尔柯夫链中的带输入马尔柯夫状态序列以及系统与控制论中的部分理论。本书内容适应了当代生物学研究工作对新理论知识和新技术方法的需要,有一定的深度和广度。

本书适合硕士以上研究生阅读,也是广大农、林、医、环保专业工作者或大专院校有关专业师生的教学参考书。

图书在版编目(CIP)数据

生物数学/徐克学著.-北京:科学出版社,1999.10

(中国科学院研究生教学丛书)

ISBN 7-03-007850-0

I. 生… II. 徐… III. 生物数学-研究生-教学参考资料 IV. Q-332

中国版本图书馆 CIP 数据核字(1999)第 38848 号

科学出版社出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码:100717

北京双青印刷厂印刷

新华书店北京发行所发行 各地新华书店经售

*

1999 年 10 月第 一 版 开本: 787×1092 1/16

1999 年 10 月第一次印刷 印张: 24 1/2

印数: 1—2 000 字数: 566 000

定价: 45.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换〈环伟〉)

《中国科学院研究生教学丛书》总编委员会名单

主 任 白春礼

副主任 余翔林 师昌绪 杨 乐 汪尔康
沈允钢 黄荣辉 叶朝辉 李 佩

委 员 朱清时 匡廷云 叶大年 冯克勤
冯玉琳 刘政凯 龚 立 侯建勤

《中国科学院研究生教学丛书》生物学科编委会成员名单

主 编 沈允钢

副主编 匡廷云

编 委 龚岳亭 施蕴瑜 王亚辉
林克椿 周培瑾

《中国科学院研究生教学丛书》序

在 21 世纪曙光初露，中国科技、教育面临重大改革和蓬勃发展之际，《中国科学院研究生教学丛书》——这套凝聚了中国科学院新老科学家、研究生导师们多年心血的研究生教材面世了。相信这套丛书的出版，会在一定程度上缓解研究生教材不足的困难，对提高研究生教育质量起着积极的推动作用。

21 世纪将是科学技术日新月异，迅猛发展的新世纪，科学技术将成为经济发展的最重要的资源和不竭的动力，成为经济和社会发展的首要推动力量。世界各国之间综合国力的竞争，实质上是科技实力的竞争。而一个国家科技实力的决定因素是它所拥有的科技人才的数量和质量。我国要想在 21 世纪顺利地实施“科教兴国”和“可持续发展”战略，实现邓小平同志规划的第三步战略目标——把我国建设成中等发达国家，关键在于培养造就一支数量宏大、素质优良、结构合理、有能力参与国际竞争与合作的科技大军。这是摆在我国高等教育面前的一项十分繁重而光荣的战略任务。

中国科学院作为我国自然科学与高新技术的综合研究与发展中心，在建院之初就明确了出成果出人才并举的办院宗旨，长期坚持走科研与教育相结合的道路，发挥了高级科技专家多、科研条件好、科研水平高的优势，结合科研工作，积极培养研究生；在出成果的同时，为国家培养了数以万计的研究生。当前，中国科学院正在按照江泽民同志关于中国科学院要努力建设好“三个基地”的指示，在建设具有国际先进水平的科学研究基地和促进高新技术产业发展基地的同时，加强研究生教育，努力建设好高级人才培养基地，在肩负起发展我国科学技术及促进高新技术产业发展重任的同时，为国家源源不断地培养输送大批高级科技人才。

质量是研究生教育的生命，全面提高研究生培养质量是当前我国研究生教育的首要任务。研究生教材建设是提高研究生培养质量的一项重要基础性工作。由于各种原因，目前我国研究生教材的建设滞后于研究生教育的发展。为了改变这种情况，中国科学院组织了一批在科学前沿工作，同时又具有相当教学经验的科学家撰写研究生教材，并以专项资金资助优秀的研究生教材的出版。希望通过数年努力，出版一套面向 21 世纪科技发展、体现中国科学院特色的高水平的研究生教学丛书。本丛书内容力求具有科学性、系统性和基础性，同时也兼顾前沿性，使阅读者不仅能获得相关学科的比较系统的科学基础知识，也能被引导进入当代科学研究的前沿。这套研究生教学

丛书，不仅适合于在校研究生学习使用，也可以作为高校教师和专业研究人员工作和学习的参考书。

“桃李不言，下自成蹊。”我相信，通过中国科学院一批科学家的辛勤耕耘，《中国科学院研究生教学丛书》将成为我国研究生教育园地的一丛鲜花，也将似润物春雨，滋养莘莘学子的心田，把他们引向科学的殿堂，不仅为科学院，也为全国研究生教育的发展作出重要贡献。

饶阳群

前 言

生物数学是 20 世纪生物学飞速发展中产生的一门新兴边缘学科。生物数学的基本理论与方法对当代生物学的发展产生重大影响，并在生物学有关领域得到广泛应用。在此形势下，广大生物学工作者迫切需要了解本学科的发展现状，掌握其原理与方法，应用于科研和生产实践中。因此在科研工作和大专以上院校的教学中备受重视，然而提供给生物学工作者学习阅读的教材和书籍不多，适用于研究生和博士生的教材在国内尚属空白。为了满足教学方面的需要，并促进本学科的发展是撰写本书的目的。

著者不但从事生物数学研究，而且还担负中国科学院研究生院生物数学课程的教学工作。科研和教学迫切需要编写教材，数年前我曾承诺撰写《生物数学》一书。经多年的科研和教学工作中不断学习、积累和总结，终于能完成了本书的初稿，实现了多年来的夙愿，甚感欣慰。在此我要感谢我国生物数学开创人杨纪珂教授的帮助与指导，同时还要感谢中国科学院生物物理研究所、植物研究所和中国科学院研究生院生物学部为研究工作和撰写本书所提供的支持与帮助。本书还得到中国科学院研究生教材出版基金的资助，承蒙有关领导、专家的支持与鼓励，在此一并表示谢意。

作为研究生教材，本书对生物数学的发展历史、基本原理、数学方法及其在生物学领域中的应用作了比较系统的介绍。还应许多生物学专家的要求，把当代生物学发展前沿中涉及的定量分析方法和对生物学产生重大影响的数学理论与思想作为本书的重点内容。然而由于本书篇幅的限制，部分内容不得不作了一些删除，实为可惜。

书中部分内容出自著者的科研和教学成果，如演化集合论、二元数据的数据处理和计算方法、生物信息论中的离散论、马尔柯夫链中的带输入马尔柯夫状态序列以及系统与控制论中的部分理论。这些内容是应生物学的需要而提出的，在理论与方法方面的开拓，仍需要广大读者和有关专家在实践中检验，提出宝贵意见，进一步发展和完善，以便于生物数学这门新学科的发展。

按照中国科学院的计划，本书属研究生教材，读者对象是硕士以上研究生，为此，教材内容适应了当代生物学研究工作对新理论知识和新技术方法的需要，有一定的深度和广度。但是在编写过程中，本书也兼顾到普通读者的需要，让更多的读者也能看得懂。著者把书中的内容分为不同层次，有关数学理论的论述，为了保持理论体系的系统性和严谨性，要求具备大学以上数学基础的读者才能阅读，部分内容也可能成为专业数学工作者了解生物数学的研究材料。但是在生物学的实际应用方面，在阐述具体运算方法和步骤时，尽量以最浅显而易于理解的方式展开，对读者数学基础的要求降到最低水平，让具有大学以上的普通生物学工作者对书中基本数学方法也能看得懂，会应用。多年的教学实践已经证实，许多数学基础较低的学员，通过教师与学生的共同努力，不仅掌握了生物数学的基本理论方法，还获得了优异的成绩。本书按这样的意图撰写，实际上它既是研究生的教材，也是广大农、林、医、环保专业工作者或中专以上有关专业教学的参

考书。

让广大读者都能够学会应用生物数学方法的另一个重要环节是计算机实践,为了把本书的数学理论与生物数学实际应用结合得更好,与本书配套的生物数学《KX》软件的开发也与本书一同完成。凡书中主要的数学方法都有相应的程序能进行运算,软件中大量的习题也可供学员操作练习,通过实际演算来加深对抽象理论的认识十分必要。书中因篇幅限制而短缺的内容也一并以资料文件编入软件。因此,该软件成为阅读本书学习生物数学的辅助材料。望读者充分利用,以期达到更好的学习效果。需要软件的读者可直接与作者联系。

编写研究生教材是一项艰难的工作,生物数学是一门新学科,新学科教材的撰写更是难上加难,本书中错误难免,恳切希望得到广大读者的批评和指正。

徐克学

1999年3月于北京

目 录

《中国科学院研究生教学丛书》序	i
前言	iii
第一章 概论	1
第一节 学科界说	1
第二节 发展历史	2
第三节 学科内容	6
第四节 学科的特点和意义	9
第二章 生物统计数学模型	12
第一节 简单的统计数学方法	12
第二节 回归预测数学模型	23
第三节 判别分析数学模型	40
第四节 主成分分析	51
第三章 生物分类的数学模型	71
第一节 分类的基本概念和原始数据的获得	71
第二节 数据变换和数据标准化	76
第三节 相似性概念的数量化	83
第四节 表征分类的分类运算	101
第四章 生物演化的数学模型	116
第一节 演化集合及其基本定理	116
第二节 分支性状与性状编码	124
第三节 演化的定量表示与简约性公理	137
第四节 性状演化的和谐性与和谐性分析方法	143
第五节 生物演化历史的重构	152
第五章 马尔柯夫链数学模型	162
第一节 马尔柯夫链的基本概念及其表示	162
第二节 正则马尔柯夫链	169
第三节 吸收马尔柯夫链	181

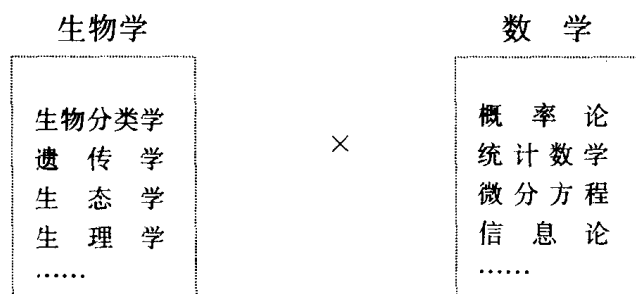
第四节	带输入的马尔柯夫状态序列	206
第六章	微分方程数学模型	215
第一节	单一种群生态数学模型	215
第二节	Lotka-Volterra 生态数学模型	223
第三节	其他生态数学模型的讨论	230
第四节	生物化学和微生物学中的数学模型	237
第五节	电神经生理数学模型——Hodgkin-Huxley 方程	245
第七章	生物信息论	250
第一节	信息与信息的度量	250
第二节	平均互信息与事物的关联性	259
第三节	离散信道与生物遗传信息的传递	268
第四节	离散量及其基本性质	277
第五节	离散增量与相似性信息系数	281
第六节	信息分类	286
第七节	离散量与事物的关联性	290
第八章	生物系统论与控制论	297
第一节	理论准备和线性系统的建立	297
第二节	系统的可控性与可观测性	319
第三节	系统的坐标变换、系统的分解和系统的稳定性	333
第四节	最优控制与最小值原理	350
参考文献		380

第一章 概 论

第一节 学 科 界 说

生物数学(biomathematics)是一门介于生物学与数学之间的边缘学科。这门学科以数学方法研究和解决生物学问题,并对与生物学有关的数学方法进行理论研究。它的分支学科较多,从生物学的应用去划分,有数量分类学、数量遗传学、数量生态学、数量生理学和生物力学等。这些分支是数学与生物学不同领域相结合的产物,在生物学中有明确的研究范围。从研究使用的数学方法划分,生物数学又可分为生物统计学、生物信息论、生物系统论、生物控制论和生物方程等分支。这些分支与前者不同,它们没有明确的生物研究对象,只研究那些涉及生物学应用有关的数学方法和理论。

生物数学按照生物学和数学这两个方面去理解,可以从下面的图示获得形象表示:



这里把生物学的分支领域看作一个集合,数学的不同分支领域视作另一个集合,生物数学就是这两个集合导出的乘积空间。因而生物数学的分支内容十分丰富。

生物数学具有完善的数学理论基础,包括集合论、概率论、统计数学、随机过程、对策论、微积分,微分方程、线性代数、矩阵论和拓扑学,还包括一些近代数学分支,如信息论、图论、控制论、系统论和模糊数学等。由于生命现象复杂,从生物学中提出的数学问题往往十分复杂,需要进行大量的计算工作。因此,计算机是生物数学产生和发展的基础,是研究和解决生物学问题的重要工具。90 年代以来,计算机技术的进一步发展,生物学的应用又把数学模型的定量分析与电脑的信息处理技术紧密结合在一起,计算机在生物数学中日益重要。然而,不论数学内容多么丰富,计算机的地位多么重要,就整个学科的内容而论,生物数学需要解决和研究的本质方面是生物学问题,数学和计算机仅仅是解决问题的工具和手段。因此生物数学与其他生物边缘学科一样,通常被归属于生物学而不属于数学。1974 年联合国教科文组织编制的学科分类目录,已明确地将生物数学归入生命科学类,与生物化学、生物物理学等生物分支学科并列在

起。由此看来,学科归属于生物学的认识已得到公认。

认识学科归属的同时还应该认识生物数学与许多学科的复杂联系,学科归属的明确并不排除它的分支领域与其他学科的复杂联系以及学科界限上的模糊不清。这里首先要提出的是生物物理学和生物数学,这两门十分相近的边缘学科,不仅在发展的历史上相互影响,而且学科的内容相互渗透,关系十分密切。某些分支如生物控制论、生物力学、量子生物学和生物热力学成为这两个学科交叉重叠的领域。另一方面我们还应看到许多其他的观点,数学家常常把生物数学列入应用数学范畴,有些理论生物学家又把生物数学视作理论生物学的一个分支,也有的学者认为所谓理论生物学,其实就是生物数学。把整个生物数学区分为数学生物学(mathematical biology)和生物数学(biomathematics)两个方面,也是部分学者的观点。对分支学科应包括的范围认识不一致,众说纷纭、莫衷一是。上述学科界限上的模糊不清和名词概念上的混乱,都说明生物数学还是一门初见雏形,正处于发展形成中的新学科。

90 年代以来,计算机信息处理技术的飞速发展,生命科学中建立数学模型的定量分析工作与其前期的生物信息处理工作结合在一起,把生物数学的应用又提高到一个新的阶段。对生物数学这门尚未发展到成熟而定型的学科又面临着概念认识上的巨大冲击。在数量分类学中出现了生物信息工程的内容;在分子水平上的遗传学与分类系统学的研究,庞大的 DNA 数据库,蛋白质数据库与各种定量分析软件结合为生物数学的应用开拓出一片新的领域;生态学的研究把遥感技术、图像识别技术、地理信息系统与建立数学模型结合在一起,由此生态学家提出了信息生态学的名称;起步于布尔代数的神经生理数学模型与人功智能研究相结合发展成为研究具有思维能力的巨型计算机技术。所有这些学术发展的新动态都说明,在计算机技术飞速进步的推动下,生物数学向着新的方向发展,正在演化成为由生物学、数学和计算机学三门学科相结合的边缘学科。

以计算机为基础,生物数学与生物信息处理相结合引导我们对数学,这个最基本的学科概念将赋予新的认识,应生物学的需要,数学的概念也须要扩充。如果按照它的本质结构去认识,新的数学结构可以表示成从一个一般的集合到一个信息集合的转换:

$$\boxed{\text{集合 } A} \xrightarrow{B=f(A)} \boxed{\text{信息集合 } B} \quad (1.1)$$

所谓数学,就是研究从一般集合到信息集合转换的理论、方法以及实现这种转换的运算过程。这就是我们对数学学科扩充以后的认识。在此集合 A 如果指实(复)数集合,信息集合 B 仅仅指一个实(复)数值,这就又回到传统数学中一般集合函数上去了。集合限制的放宽,将改变对数学概念的认识。在新的概念下,生物数学的范围和内容又将面临巨大变化。

第二节 发展历史

了解生物数学产生和发展的历史,要追溯到 19 世纪末 20 世纪初,最早是统计数学在生物学中的应用。1901 年英国著名统计学家 Pearson 创办了《生物统计学杂志》

(Biometrika), 它标志着生物数学发展的起点。生命现象的多次重复和大量出现, 随机性的特点迫切要求概率统计数学方法, 容易理解生物数学发展的萌芽阶段以生物统计学为基础。在这一阶段生物数学的工作局限于对生命现象作静止的, 定量的简单描述, 研究的数学手段仅仅是统计学, 几何学和一些初等的解析方法。从当时的《生物统计学杂志》, 可以看到许多这方面的研究成果, D'A. W. Thompson 对这一阶段的研究成果作了总结, 写出一部巨著《论生长与形式》, 它可以看作生物数学萌芽阶段的代表作。在这本书里提出了许多古典的生物数学问题, 直到今天仍然引起某些学者的关注, 进行讨论和研究。

20 世纪 20 年代以后, 生物物理学的发展促进了数学向生物学进一步渗透。数学在生物学中的应用不再局限于静止的、孤立的描述生命现象, 开始分析生命现象复杂的过程, 并探索其规律性。人们应用各种数学工具, 建立起各种各样的数学模型模拟各种生命过程。数学物理方法把许多微分方程模型带进生物学领域, 生物数学的发展进入第二阶段。这一阶段的特征是生物物理带动生物数学发展。学术带头人首推生物物理学家拉舍夫斯基(N. Rashevsky)和生态学家洛特卡(A. J. Lotka)。

拉舍夫斯基在生物物理学学术上的成就形成了自己的学派, 在他的主持下 1939 年创办了《数学生物物理学通报》(Bulletin of Mathematical Biophysics), 该杂志促进了生物物理学的发展。洛特卡以提出著名的 Lotka-Volterra 捕食与被捕食生态数学模型而出名, 1952 年发表了他的专著《物理生物学原理》(Elements of Physical Biology), 这本专著是数量生态学早期的经典著作。1956 年这本书再版时改名为《数学生物学原理》(Elements of Mathematical Biology)。有趣的是拉舍夫斯基也于 1972 年把他创办的杂志改名为《数学生物学通报》(Bulletin of Mathematical Biology)。这两个学术刊物的改名再一次说明生物物理导致生物数学发展的事实。

在生命现象的研究中, 人们最初把复杂的生命物质运动归结为简单的物理学和化学运动, 利用比较成熟的物理学和化学知识总结生命现象的规律性。许多生物物理学的先驱者, 把物理方法引进到生物学, 却未料到获得的结果竟是生物数学的发展、这个事实重演了过去物理学及其他自然科学发展导致数学发展的历史。这本是不足为奇的, 因为数学是一切自然科学的基础, 数学本身就是从其他学科的实践中不断发展、丰富和抽象出来的。这种关系, 物理学与数学之间表现得尤其明显。物理学的基本理论, 从牛顿力学原理开始, 有热力学原理、电动力学原理、量子力学原理、爱因斯坦的相对论直到今天基本粒子理论。物理学对客观世界认识得愈深刻, 它所涉及的数学就愈多。近代物理学的原理也开始向生物学渗透, 出现了生物热力学、量子生物学。从物理学的观点对生命现象揭示得愈深刻, 所涉及的数学也愈多, 生物数学终于成为研究生物学不可缺少的工具。

20 世纪 40 年代末电子计算机的发明和普及应用, 让生物数学的发展进入又一个新的时期。由于生命现象非常复杂, 给生物数学带来大量运算, 只有利用电子计算机, 一些生物数学问题的求解才成为可能, 当今几乎所有的生物数学应用工作都必须通过计算机才能实现。在数学方面, 由于计算机的发明, 产生许多新的数学分支, 数学工具借助电子计算机获得飞速发展, 并广泛应用于生物学。计算机成为发展生物数学的基础。在此基础上许多生物数学的分支学科, 如数量分类学、生物控制论、生物信息论等在 20

世纪 50 年代以后如雨后春笋般相继产生, 并得到发展。

随着计算机技术的发展和它的普及应用, 以此为后盾的生物数学如虎添翼飞速发展, 到了 20 世纪 70 年代, 俨然以一个独立的学科立于科学之林。生物数学作为独立学科的标志之一是具有完整的数学理论基础。发展到此时的生物数学已经把数学学科的绝大部分内容置于自己的理论基础之中, 从古典的初等数学到近代数学, 从抽象数学到应用数学。应该说像统计学这样一些分支领域, 实际上是在生物学的应用中才建立和完善了自己的数学理论体系。20 世纪的近代数学发展都与生物学的应用有联系, 模糊数学是其中一例。1965 年模糊理论一问世, 很快被应用于生物学, 直到今天模糊数学尚被部分数学家怀疑和排拒之时, 是由于模糊理论在生物学等方面的广泛应用而得到发展的现实, 才能够在学术的激烈争辩之中确立并巩固自己的地位。生物数学就是这样在广泛应用中建立和完善自己的理论体系, 与此时同时也推动了数学理论的发展。

生物数学作为独立学科的另一个标志是它的应用已经遍及生物学所有领域, 微生物、动物、植物和古生物都有大量生物数学应用的记录, 不同分支学科的应用已经又形成生物数学自己的分支学科, 如数量分类学、数量遗传学等即是。在许多与生物学有关的学科和生产实践中也得到广泛应用, 如农业、林业、环境、医药等方面。70 年代以后, 生物数学在诸多方面的应用产生显著的经济效益和社会效益。除理论意义外, 巨大的实际效益, 促使人们关注生物数学的发展, 这时科学研究和宣传教育机构开始设立生物数学或与之有关的项目内容。所有上述情况都说明生物数学的发展已达到独立学科的水平, 联合国教科文组织 1974 年颁布的学科目录把生物数学正式列为一门学科是有充分根据的。

20 世纪 90 年代生物数学的发展进入与信息处理相结合的时代。计算机作为一门技术或学科, 是 20 世纪发展和进步最快的领域, 以计算机为基础的生物数学在计算机发展的带动和影响下, 也必然随之一起迅速发展。生物数学发展前期仅仅利用计算机进行数值计算, 当时的计算机也只能当作运算工具。随着 20 世纪 70 年代计算机数据库技术的产生和发展, 计算机不仅是一种运算工具, 也成为了信息处理的最有力的工具。20 世纪 90 年代计算机技术在以下四个方面为生物信息处理创造了条件: ①高性能微机的普及使用; ②多媒体技术的产生; ③计算机软件技术的提高; ④计算机网络技术的推广使用。计算机在生物学数据库技术的发展和应用研究过程中, 生物信息的收集、整理、存储、传输都能由计算机高速、自动化完成, 信息处理工作十分重要。以致计算机成为生物学研究工作或其他有关生产实践的重要工具。生物数学家不得不把自己的工作从数学模型的建立和运算分析转向生物信息处理的研究上来。在这里数学模型与信息处理是相互紧密联系而不可分割的。信息处理要按照数学模型的建立而进行设计; 数学模型要考虑信息提供的可能性而研究建模。生物数学的研究成果不再仅仅是建立模型和数值运算, 还包括信息处理。它体现了生物学、数学与计算机三者在理论方法和技术上的结合, 生物数学与计算机的结合把当代生物学的研究提高到前所未有的高水平。

在中国国内生物数学的发展是从“文化大革命”结束以后开始起步的。起步之时比国际上该学科发展至少落后 20 年, 这是长期以来政治上的极左路线和学术上的闭关锁国所致, 令人痛心。然而起步虽晚, 一旦起步发展十分迅速, 这要感谢一大批学术上的先驱者的勤奋努力。

国内生物数学的开创人当首推杨纪珂教授。杨教授多年来从事生物统计研究工作，正是他在国内发表了第一批有关生物数学和数量遗传方面的专著，也是他首先在各种重要的会议上和学术报告中呼吁发展生物数学。70 年代末，当他在中国科学院生物物理所任职时，主持成立了生物数学研究组，这是国内第一个本学科的研究组织，在杨教授的领导下，蓬蓬勃勃地开展生物数学研究工作，很快在国内形成了以中国科学院生物物理研究所为主的研究中心。在杨纪珂的学生孙长鸣的多方努力下，中国科学技术协会第二届常委会还通过了接纳“中国生物数学研究会”的决定。当时生物数学研究工作得到贝时璋所长的大力支持，还有许多学者从生物热力学、量子生物学、视觉模型、酶动力学和电子计算机应用等方面深入到生物数学。国内的生物数学发展也重步国外从生物物理到生物数学的发展道路。

80 年代初，在生物物理所的影响下，很快在高等学校涌现出一批对生物数学热心的学者。随后中国科学院数学研究所部分数学理论研究者 and 高等院校一批数学教师，都期望在生物学寻找应用研究课题，这样他们也步入到了生物数学的队伍中。这三股力量结合在一起经过协商，终于在 1984 年 11 月 28 日，召开了全国第一届生物数学学术交流暨工作会议，会址在广州中山大学，与会代表 158 人，收集学术报告 118 篇，会上宣讲 101 篇学术报告。会上成立了中国生物数学筹备委员会。

第一届学术交流会议的召开，标志着中国生物数学的发展进入一个全面发展与壮大的时期。此次会议之后，分别在西安、武汉、上海和杭州，又相继召开过国际生物数学交流会和第二、三、四届全国生物数学学术交流会。在农业、医学界也成立相应的学术组织，并举行各种有关学术活动。例如全国性的数量分类学讲习班已举办了 11 次之多。这些活动都大大推动了生物数学在国内的发展。与此同时，大量的学术论文在各种刊物上发表。中国生物数学筹备委员会成立后，第一项重要工作于是于 1985 年创办了《生物数学学报》杂志。生物数学第一次在国内有了发表自己研究论文的刊物。90 年代以后又陆续出版了一批生物数学及其分支学科的专著。中国大百科全书将生物数学作为新学科条目，以 9000 字的中型条目收载入书。这是我国第一次将该学科收入百科全书。

生物数学在国内发展壮大的过程中，不同分支领域逐渐形成了该领域的学术带头人。

生物统计	北京农业大学 裴鑫德教授、陈伟侯教授，东北农业大学徐中儒教授
数量遗传学	北京师范大学刘来福教授
数量生态学	中国科学院-国家计划委员会综合考察委员会阳含熙院士
数量生理学	(植物方面)上海植物生理研究所王天铎研究员
数量分类学	中国科学院植物研究所徐克学研究员
数量生态学	(动物与昆虫方面)中国科学院动物研究所李典谟研究员 (在植物方面)山西大学张金屯教授
种群生态学	(数学模型研究)西安交通大学马知恩教授 (常微分方程数学模型研究)中国科学院数学研究所陈兰荪研究员
生物控制论	复旦大学顾凡及教授
视觉数学模型与生物控制论	中国科学院生物物理研究所汪云九研究员

医学数学模型 浙江医科大学周怀梧教授
随机过程数学模型 中国医科大学方积乾教授
生物热力学 上海生物化学研究所徐京华研究员
数量经济学 (农业方面)杨义群教授
生物信息 中国科学院张建中研究员
生物信息 (植物学方面)徐克学研究员
生物信息 (动物学方面)李典谟研究员

以这一批学术带头人为骨干,形成了国内生物数学的基本队伍。这支队伍包括从事教学与科研,理论与应用方面的来自不同分支领域的高素质研究者。这支队伍将为国内生物数学跨世纪的发展奠定基础。

生物数学在国内的教学工作是从中国科学院和中国科学技术大学研究生院开始的。该研究生院十分重视新技术、新学科的教学内容,当该研究生院建院伊始就于 1979 年正式开设生物数学课程,这是国内最早开设生物数学课程的单位。经过近 20 年的摸索,对这一门新学科的教学工作已经积累了初步经验。本书就是为该研究生院编写的生物数学教材。当今国内的许多与生物有关的高等院校都建立了相应的专业或课程。

生物数学在国内虽起步较晚,但发展迅速。20 世纪 90 年代很快与国外先进国家缩短了差距。在研究队伍、学术组织、科研应用与教学方面都打下初步基础,为 21 世纪的中国生物数学发展赶上和超过国际水平而做好准备。我们有信心,期望着那一天的到来。

第三节 学 科 内 容

依据生命科学的需要,生物数学的内容分为以下几个主要方面:

(1) 生命现象数量化的方法:所谓生命现象数量化,就是以数量关系描述生命现象。数量化是利用数学工具去研究生物学的前提。生物表现性状的数值表示是数量化的一个方面。生物内在的或外表的、个体的或群体的、器官的或细胞的,直到分子水平的种种表现性状,依据性状本身的生物学意义,用适当的数值予以描述。数量化还表现在引进各种定量的生物学概念,并进行定量分析。如体现生物亲缘关系的数值是相似性系数。各种相似性系数的计算方法及在此基础上的分类运算构成数量分类学表征分类的主要内容。遗传力表示生物性状遗传给后代的能力,对它的计算及围绕这个概念的定量分析是研究遗传规律的一个重要部分。多样性在生物地理学和生态学中是研究生物群落结构的一个抽象概念,它从种群组成的复杂和紊乱程度体现群落结构的特点。多样性的定量表示方法基于信息理论。

数量化的实质就是要建立一个集合函数,以函数值来描述有关集合。传统的集合概念认为一个元素属于某集合,非此即彼界限分明。可是生物界存在着大量界限不明确的、“软”的模糊现象,给生命现象的数量化带来困难。1965 年扎德(L. A. Zadeh)提出的模糊集合概念适合于描述生物学中许多“软”的模糊现象,为生命现象的数量化提供

了新的数学工具。以模糊集合为基础的模糊数学已广泛应用于生物数学。

(2) 概率与统计方法：生命现象常常以大量、重复的形式出现，又受到多种外界环境和内在因素的随机干扰。因此概率论和统计数学是研究生物学经常使用的方法。

生物统计学是生物数学发展最早的一个分支，各种统计分析方法已经成为生物学研究工作和生产实践的常规手段。

概率与统计方法的应用还表现在随机数学模型的研究。以随着时间而变化的随机变量来描述生命现象显然是研究随机现象的重要概念，以这种观点研究生命现象必须先建立随机数学模型，然后利用随机数学理论去分析研究随机现象的规律性。随机数学模型又分为连续和离散两大类。由于生命现象的离散性，马尔科夫链作为离散的数学模型成为研究生物学的重要工具，特别在群体遗传学中，可以阐明许多群体遗传的规律。马尔科夫链也可以应用生态学、环境科学和医学。

(3) 数学模型方法：为了研究的目的而建立，它能够表现和描述真实世界某些现象、特征和规律的数学系统，称为数学模型。数学模型能定量地描述生命物质运动的过程。一个复杂的生物学问题借助数学模型能转变成一个数学问题，通过对数学模型的逻辑推理、求解和运算，就能够获得客观事物的有关结论，达到对生命现象进行研究的目的。

数学模型可分为确定模型和随机模型两大类。如果模型中的变量由模型完全确定，这是确定模型；与之相反，变量出现随机性变化而不能完全确定，称为随机模型。从数学物理方程中引出的许多微分方程数学模型都属于确定模型，其中部分偏微分方程和微分方程组在动物生理学、生态学中发挥重要作用。著名的霍奇金-赫胥黎(Hodgkin Huxley)神经兴奋传递数学模型就属于二阶偏微分方程。该模型为电神经生理学奠定基础。

(4) 综合分析方法：世界上一切物质的运动都是相互联系、相互制约的，生命现象表现尤为突出。片面的、孤立的、机械的研究方法不能满足生物学的需要。从非生命科学中发展起来的数学，在被利用到生物学领域时就须要从事物的多方面，在相互联系的水平进行全面的分析，须要综合分析的数学方法。

多元统计分析是应综合分析的需要，从经典统计学中分化出来的一个分支领域。它是从统计学的角度进行综合分析的数学方法。多元统计的各种矩阵运算体现多种生物实体与多个性状指标的结合，在相互联系的水平上，综合统计出生命活动的特点和规律性。生物数学中常用的多元分析方法有回归分析、判别分析、主成分分析和典范分析等。

多元统计分析不仅对生物学的理论研究有意义，而且由于原始数据直接来自生产实践、科学实验或调查资料，有很大的实用价值。在农、林业生产中，对品种的鉴别、情况的预测、生产规划及生态条件的分析等，都可以应用多元统计分析方法。医学方面的应用，多元统计分析与电脑技术相结合已经实现对疾病的诊断，帮助医生分析病情，提出治疗方案。

分类分析是一种专门解决分类问题的综合分析方法，它起源于多元统计中的聚类分析，多种数学工具的介入早已超出统计的范畴而发展成为新的生物数学方法。

系统论与控制论是最得力的综合分析数学方法。它是以动态的观点进行综合分析，因而胜过多元统计，应用于庞大的生态系统和复杂的生理学研究。但它也有缺陷，因为它的数学模型属于微分方程，对离散的事物描述有一定困难。

在系统和控制理论中，综合分析的特点还表现在把输出和状态的变化反馈对系统