

影响两物种最后的平衡状态。但也有时,由于某一意外事件,例如,某物种突然增加一批新成员,一场森林火灾,或一种疫病流行,……改变了原来的生态,从 v_0 跳到 v_2 , 这样一来后果大不相同,原来是可以共存下去的(趋于 p),而现在将以一个物种的死光而告终(趋于 $(0, b)$)。

以上一切数学中的结论都是可以严格证明的;证明可参考以下文献。

参 考 文 献

- [1] Hirsch, M. W. and Smale, S.: Differential Equations, Dynamical Systems, and Linear Algebra, New York, Academic Press, 1974.
- [2] Rescigno, A.: The Struggle for Life: I. Two Species, Bulletin of Math. Cal. Biophysics, 29, 1967.
- [3] 古屋茂、南雲仁一:《非线性振動論》,上海科学技术出版社,1962.

[本文于 1979 年 4 月 9 日收到]

试 论 生 物 数 学 方 法

徐 克 学

(山西省晋东南地区药品检验所)

数学与生物学,这二门过去较少往来的科学,从 20 世纪开始互相渗透,生物数学发展很

快。请看下面对 4,500 篇生物数学论文的统计表^[1]:

年:	1870	1880	1890	1900	1910	1920	1930	1940	1950	1960
占百分比:	0.4	0.7	3.7	6.3	4.4	11.4	29.6	12.5	31.0	

40 年代电子计算机技术应用以后,生物数学发展得更快。请看统计表*:

年:	1950	1960	1970	1977
出版生物数学杂志种数:	5	11	23	42(1976 年)
平均每年召开有关生物数学学术会议次数:	0.2	1.7	5.1	

“生物学(Biology)这个名词来源于希腊字($\beta\iota\omicron\lambda\omicron\varsigma$ 即生命),这门科学由于应用了数学,获得第二次生命”^[2]。数学促进了生物学的发展;另一方面,生物学也促进了数学的发展。数学,当它与生命科学相结合,产生了许多新的数学理论与方法,如数学模型、系统分析,……。生物数学的方法层出不穷,呈现出一个非常活跃的领域。近些年来,又有分类分析方法跨进生物数学的领域,它的理论日臻完善,它的应用,几乎遍及整个生物学及其边缘学科。分类分析方法的出现意义很大,这是生物数学中新的动态。

本文试对当前生物数学方法的主要方面进行论述,着重介绍分类分析方法,以促进人们对这方面的了解。

生物数学的困难

对生物学的研究,让我们从更一般的情况开始。如果把被考虑的某一事物称作系统;事物表现出变化着的情况称为特性,以符号 x 表示;与此系统有关的一切特性(不妨设有 n 个)组成集合,记作 $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ 。对系统的研究,就归结为对特性之间关系的研究。

不妨举个例子,物理学中简单无阻尼弹性小振动(图 1)。这个系统有时间 t 和距离 x 二个特性,系统被写成 $\{x, t\}$ 。列出运动方程:

$$m \frac{d^2 x}{dt^2} + cx = 0 \quad (c > 0, \text{常数}).$$

解方程,得数学表达式:

$$x = A \sin \left(\sqrt{\frac{c}{m}} t + B \right) \quad (A, B \text{ 由初始条件决定}).$$

整个问题得到解决。

此例是物理学中经常使用的所谓数学物理

* 根据中国科学技术资料情报研究所和中国科学院图书馆的资料进行统计。

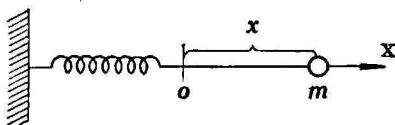


图 1

方法。现在要把数学方法转向研究生物学问题。在生物学中,生命现象是物质运动的高级形式,表现多种多样,它们以互相联系,互相制约、大量重复的形式表现出来,又在空间上和时间上构成错综复杂的有机整体。因此在使用数学方法上,与非生命科学比较,具有本质区别。如果我们因循守旧,照搬已经使用过的方法,就会遇到许多困难。

如果被研究的系统是 $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$, 生物数学的困难可以总结为以下三种:

- 1, 特性 x 常常以随机变量出现;
- 2, 系统中特性的数量比较大, 即 n 比较大;
- 3, 系统中出现了无法用数值表示的特性, 即非实数特性。

克服困难的数学方法

统计数学的应用, 解决了生物数学第一种困难, 它为数学应用于生物学闯开了第一道关。

随机现象在生物学中经常出现, 如何从大量随机现象中找出现象的规律呢? 统计方法把随机变量与实数中某一值建立联系, 以这个值的变化来反映随机变量内在的规律性, 达到对生物现象进行研究的目。这是用统计方法克服随机性困难的思想实质。试看各种随机变量的数字特征、各种统计量和各种统计方法, 无不体现了这个思想。整个统计数学的基本概念——概率, 它的定义^[3]是集合上的测度, 也体现了这个思想。

生物统计是数学应用于生物学最早的一个分支, 各种方法和理论比较完整。应生物学的需要, 50 年代, 多元统计分析理论又获得发展, 在一定程度上, 多元技术也能克服多特性困难。

生物统计使用的数学理论主要有 概率论,

集合论, 线性代数等。

数学模型方法含义很广, 在本文讨论中, 就一般理解而言, 指属于能够用函数表达的模型。讨论从具体例子入手, 不妨以生态学中二个种群斗争的关系为例。Lotka^[4] 只考虑捕食 (N_2) 与被捕食 (N_1) 种群之间的关系, 他将其它生物的和环境的因素都度置于外, 第一次给出了描述这种关系的数学模型:

$$\frac{dN_1}{dt} = (a_1 - b_1 N_2) N_1$$

$$\frac{dN_2}{dt} = (-a_2 + b_2 N_1) N_2,$$

其中 a_1, a_2, b_1 和 b_2 为大于 0 的常数。这就是著名的 Lotka-Volterra 方程。不难解出:

$$a_1 \ln N_1 - b_2 N_1 + a_2 \ln N_2 - b_1 N_2 = C \text{ (常数)}。$$

根据这个解, 可以得出关于种群变化的周期性和变化幅度等许多有趣的结论。

数学模型方法起源很早^[5], 是比较原始的方法。所谓原始, 指它仍然模仿在非生命科学中曾经使用的手段、试与前面振动的例子作比较。它克服多特性困难, 采取突出主要特性, 略去次要特性的方法。由于舍去了许多繁杂的因素, 能针对具体问题, 构造相适应的数学模型, 模拟事物变化的复杂过程。

数学模型法不仅应用于生态学, 对生命现象的某些物理过程、和复杂的生理现象, 也能进行深刻、细致地分析。由于它能综合物理、化学和数学上的最新技术, 把生物学研究推上新的水平。有关数学模型的应用请参阅文献^[6]。

数学模型方法有很大的局限性。由于舍去的因素较多, 对复杂的生命现象, 在实际中只能做轮廓性的描绘; 对于那些特性多、各种特性比较均衡一致的复杂系统, 就显得无能为力了。

数学模型使用的数学理论, 主要有微分方程, 概率论。

系统分析方法从另一个方面克服多特性的困难。仍以具体例子进行讨论。如果有一个生态系统 (图 2)^{*[7]} 包括三个成分: 水, 一个水生

* 本例是虚构的, 有不合之处, 在此仅用以说明 系统分析方法。

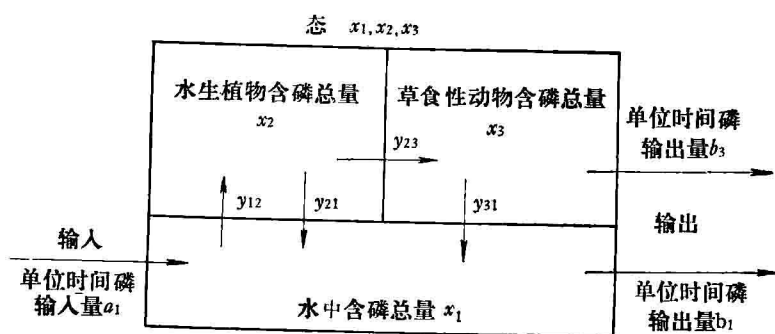


图 2

植物种群和一个草食性动物种群。现在研究物质磷在其中的循环变化过程。这是十分复杂的问题。有关特性很多,因为特性多,使得解决问题非常困难。

克服困难的第一个办法是采用系统分析中分室网络的理论,通过网络中互相连接的渠道,表明各成分之间物质流动的规律性,复杂的关系得以条理化,图 2 正是描述这种关系的网络模型。其中 y_{12} 、 y_{21} 分别表示植物自水中摄取和释放磷的速率, y_{23} 、 y_{31} 分别表示动物自植物中摄取磷和释放磷于水的速率。于是得到态方程:

$$\frac{dx_1}{dt} = a_1 + y_{21} + y_{31} - y_{12} - b_1.$$

$$\frac{dx_2}{dt} = y_{12} - y_{21} - y_{23}.$$

$$\frac{dx_3}{dt} = y_{23} - y_{31} - b_3.$$

此方程还相当复杂、无法求解。克服困难的第二个办法是结合问题的实际意义,采取数学上的简化手续(如线性逼近,略去高阶无穷小量),并假设该系统是定常的,得到近似的表达: $b_1 = c_1 x_1$, $b_3 = c_2 x_3^2$, $y_{12} = c_3 x_1 x_2$, $y_{21} = c_4 x_2$, $\dots$, $y_{31} = c_6 x_3$ 。最后写出描述该系统的方程:

$$\frac{dx_1}{dt} = a_1 + c_4 x_2 + c_6 x_3 - c_3 x_1 x_2 - c_1 x_1.$$

$$\frac{dx_2}{dt} = c_3 x_1 x_2 - c_4 x_2 - c_5 x_2 x_3.$$

$$\frac{dx_3}{dt} = c_5 x_2 x_3 - c_6 x_3 - c_2 x_3^2.$$

将常数 $c_i (i = 1, 2, \dots, 6)$ 和 a_1 以及初始条件决定后,应用电子计算机可以得方程的数值解。对于不同的值 a_1 , 就可以预期整个系统的变化情况。

通过此例可以看到,系统分析方法没有靠舍弃某些特性去克服多特性困难,而是采取具有数学理

论根据的系统分析方法,把一个复杂的问题变成可以解决的问题。因此系统分析方法比数学模型方法又高一着,它擅长于解决生物学中无所不包的多特性庞大系统。

系统理论在本世纪 40 年代末,起源于电气和电信工程。由于电子计算机的出现,发展很快,现在已普遍应用于各方面,生物学是系统分析应用的一个主要方面。

系统理论应用的数学工具很广,有集合论、概率论、微分方程、信息论、博弈论以及网络理论等。

分类分析方法能够部分地解决第三种困难,放在后面详细讨论。

最后,还有电子计算机技术。由于生物数学的三种困难,带来了大量数值运算,电子计算机成为一切生物数学方法的基本运算工具,对生物数学的发展具有十分重要意义。因为电子计算机只起到运算工具的作用,本文不进行深入讨论。

把数学模型方法和系统分析方法与弹性振动例子做一比较,就会发现彼此有许多共同之处,都是企图从数学方程所体现的函数关系,来建立特性与数值之间的联系。生物统计方法把大量随机变量也与实数建立联系。一言以蔽之,它们的方法都是:从实数特性集合到实数。

把数学引向生物学,这些方法就本质上,没有给我们增添什么新颖的东西,它们只能克服多特性和随机性困难。对生物数学的第三种困难毫无触动,随后我们将要说明,这个困难才是

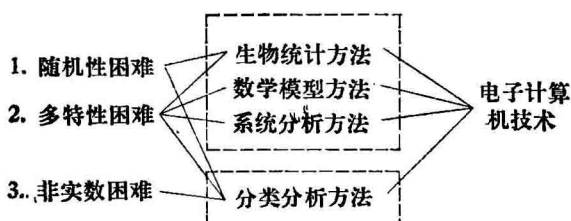


图 3

最根本的困难。如果以能否克服这个困难为界限,可以将生物数学方法划分为两大类,现将它们的关系表示在图 3 中。

分类分析方法的意义

前面已经讨论了三种类型的数学方法,随机性和多特性困难在一定程度上,能够被这三种方法所克服,剩下尚未解决的是非实数特性困难,让我们对它进行仔细地剖析。

非实数特性在生物学中普遍存在,表现多种多样,非常复杂,归纳起来可以分为三种情形:

1,有序多态特性,指排列在一定次序上的多种状态特性;

2,二元特性,指具有二个互相对立状态的特性;

3,无序多态特性,指没有次序的多种状态特性。

以无序多态特性最复杂。例如昆虫的翅有直翅、膜翅、鞘翅、鳞翅,……;植物的花冠有蝶形、唇形、舌形,……。生物分布的地理位置也是无序多态特性。再看生物遗传进化在不同方向的演化,例如脊椎动物有鱼类、两栖类、爬虫类、鸟类和哺乳类,这些演化的不同单位当作特性,也是无序多态特性。不难理解,根据生物表现性状的差异进行分类,得到的分类单位也是无序多态特性。这种特性不像形态特性那样直观,它是需要对分类依据进行综合分析才能认识的一种特性。

要克服非实数困难,我们把希望寄放在是能否将非实数特性改换成实数来表示。数量分类学中有专门的章节讨论特性编码的技术,许

多情形在生物分类中可以得到解决。而无序多态特性,原则上是不能改编成实数的,它成为生物数学困难的焦点。但是在分类工作中,有些情形,特性编码方法也能绕过去。最后剩下像分类单位这种无序多态特性,没有任何方法可以把分类单位也转变成实数,因为如果用有序的实数变量来表示,整个分类将毫无意义。

我们把生物数学的三种困难进行了细致地分析,矛盾被逐层剥离,困难一个个地被解决,最后,现出了它的核心——无序多态特性(包括分类单位在内)。它是整个生物数学最难克服的障碍。

生物数学方法遇到了无序多态特性的困难,这个问题之所以难,因为它涉及整个数学的根基。数学,是一门研究空间形式与数量关系的科学,除个别抽象数学以外,绝大部分都确立在实数集合,或者由实数所扩展的集合上(如 n 维欧氏空间,复数域),与实际应用有联系的数学,包括基础数学、微积分、微分方程、概率论、统计数学等等都不例外。在科学发展历史中,这些数学曾经扮演过非常重要的角色,然而进入生物学领域,却再也不能像过去那样“畅行无阻”,遇到许多障碍。无序多态特性不能用有序的实数进行描述,这个根本缺陷,几乎成为长期以来生物学与数学之间不可逾越的鸿沟。20 世纪以前许多数学方法没有越过这条界限,现代生物数学许多方法也没有克服这个困难。分类分析方法越过了这个困难,把生物学与数学建立起密切的联系,因此它是一件具有十分重要意义的事。

分类分析系统 $\{T, x_1, x_2, \dots, x_n\}$, 其有 T 表示分类单位, $x_1, x_2, \dots, x_n$ 表示被分类的特性依据。分类分析利用数学方法研究 T 与 $x_1, x_2, \dots, x_n$ 之间的关系,见图 4,左边是树图,表示 T 的一种复杂的隶属关系,通过分类分析与右边的特性集合 $x_1, x_2, \dots, x_n$ 建立联系。有分类实践经验的生物学者,更能够理解这种联系蕴含着多么丰富的内容。它不是孤立的、局部的,而是一个互相联系的,有机的、整体的

概念。

分类分析方法的意义,在于它突破了实数的界限,能把一组特性与图4所表示的无序多态特性建立联系。它从本质上有别于其它许多生物数学方法,是真正带有生命科学味道的数学方法。因此在生物学中显得特别活跃。

你要认识生物界,可以利用分类分析方法对动物、植物和微生物进行分类。分类又不局限于生物物种分类,为了不同的研究目的、有群落分类、植被分类、蛋白分类、化学分类、土壤分类、疾病分类、……等等。分类分析方法在生物学中的应用比比皆是。

分类分析与生物分类是两个完全不同的概念。建立分类系统是生物分类的目的,而分类分析是把分类当作手段,通过聚类的方法分析特性之间的关系,特别是那些无法用函数表达的多特性之间的复杂关系。带时间的分类可以描述生物的遗传与进化;特性之间的列分类对分类学家意义不大,它是一种分析工具;双重分类是一种更加得力的分析工具,进行二次分类,将二次分类结果进行比较,可以分析二组特性之间的互相关系。这些分析方法的应用超出生物学,具有更广泛的意义。

分类分析方法有:列分类、行分类、双重分类、多重分类和带时间的分类等多种类型。不同类型进行组合,构成一个巨大的分类分析方法体系。这个体系在研究生物学中,具有多种功能,成为生物学家在生命现象中,探索客观规律的得力工具。

二十多年数量分类学的蓬勃发展,提供了大量丰富的分类分析应用实例。到了70年代,分类分析方法已开始广泛应用于生态学、生物化学、分子生物学、古生物学、遗传学、进化论、心理学、医学、农业、土壤、和环境等科学。它的应用几乎把整个生物学及其边缘学科都包罗殆尽,它在生命科学中所触及的广度与深度,迄今没有任何一种生物数学方法能与之相比。

分类分析方法

进行分类分析,需要对特性状态中的大量

数据同时进行综合分析。由于解决分类问题难度较大,多少世纪以来数学家很少触及。到了本世纪30年代,美国心理学家 R. C. Tryon 第一次开创先例,把分类分析方法应用于研究心理学。在没有电子计算机的条件下, Tryon 的研究工作非常艰难,尽管他的治学态度非常刻苦勤奋,也只是当利用了电子计算机以后,才显见起色。所以我们说,电子计算机的发明是利用数学工具解决分类问题的根本条件。分类问题一经突破,发展极为迅速。最初,统计数学中多元分析的理论得到发展,为了专门解决聚类问题,从多元分析中又产生了一个分支——聚类分析。聚类分析很快被应用于生物学,称为分类分析。聚类比分类具有更广的含义,分类是带有生物学特点的聚类。50年代末期, Sokal 等人把分类分析方法应用于生物分类学,创立了数量分类学^[8,9], Sokal 对分类分析和应用有卓越的贡献。70年代以后,分类分析上升为独立的生物数学方法,普遍应用于生物学。

应用数学方法解决分类问题,步骤很多,运算过程十分繁杂。它的基本思想可以总结为以下三点:

- 1,将一切特性和生物概念数量化。这是利用数学工具解决分类问题的先决条件。特性的数量化有特性编码方法,将各种特性改编成数值。原始数据在计算之前,还要作变换,进行标准化。

相似性系数和相似性距离,是分类分析中两个最重要的、由数值表示的生物概念。在生物分类中体现生物亲缘关系的远近,对它们的计算成为分类的重要步骤,适应于不同的具体问题,计算公式很多。

- 2,将分类结果以明晰的形式表现出来。表现的方法有作图法和模型法。作图法比较方便,树图(图4,左)是最常见的一种形式,还有体视图,坐标图、相似关系矩阵图等等。

因为分类结果体现了分类单位之间复杂的关系,为了便于分析研究,对作图要求: i) 形象生动鲜明; ii) 显示精确的数量概念。

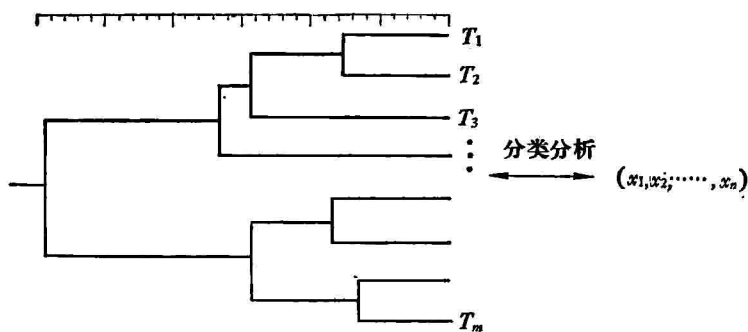


图 4

3. 用数学方法进行聚类。这是整个分类分析中最主要的、也是最困难的工作。

分类分析从分类形式上区别有：划分、聚合、单元、多元、系统、非系统、重叠、非重叠等不同方法。

由于分类分析方法应用广泛，吸引了许多数学家进行大量的研究工作。他们从不同的角度，应用不同的数学工具去解决聚类问题，产生了各种不同的聚类方法。有系统聚类法、图论聚类法、主分量聚类法、信息聚类法、模糊聚类法等等。

现在将分类分析中主要的聚类方法综述如下：

系统聚类法 这是由几何、统计等运算组成的多种聚合分类方法，发展较早，应用较广。60年代末期 Lance, Williams^[10] 和 Wishart^[11] 把六种不同的方法总结于统一的公式：

$$d_{ir}^2 = \alpha_p d_{ip}^2 + \alpha_q d_{iq}^2 + \beta d_{pq}^2 + \nu |d_{ip}^2 - d_{iq}^2|,$$

其中 α_p 、 α_q 、 β 和 ν 是待定系数。不同的一组系数给出聚合后类群之间距离计算公式，因而得到不同的聚类方法。这种总结为电子计算机编排程序提供了方便。现在已经有八种不同方法被总结在这个公式中。

系统聚类法由于发展较早，方法日臻完善，是一种比较定型的方法。

图论聚类法 把图论(也称网络理论)应用于聚类分析产生图论聚类法。这种方法利用无向图理论中最小生成树概念，把所有的分类单位连接在一起(图5)，再按一定的规则断开，分为二个群体，这就是图论聚类法的思想。如何

构造最小生成树是这个方法的重要步骤，Prim^[12] 与 Kruskal^[13] 各自给出了二种不同方法。1971年 Zahn^[14] 对图论法作了系统的总结。

图论聚类法的另一个发展方向是 Wagner 树系法^[15]，这个方法最初应用于植物学，以后用于动物学。70年代这种方法被发展，大量用

于分子生物学，对各种蛋白质、DNA 进行分类研究，从分子水平上阐明遗传与进化的规律。

图论聚类法的理论很不完整，有待解决的问题很多，由于应用较广，正在发展中。

主分量聚类法 主分量聚类法应用多元统计数学中主分量分析理论来解决聚类问题。

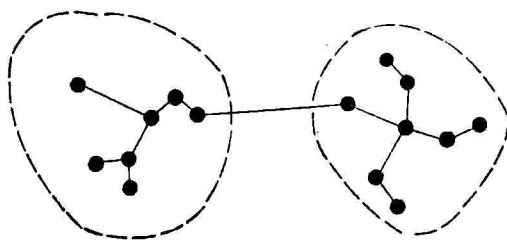


图 5

在聚类问题中，许多特性都具有相关性，以特性为坐标的 n 维空间中，如果能找到一个方向，特性在这个方向上反映的离差变化最大，称为第一主分量，其次为第二、三、……主分量。以前几个主分量为基础，分类单位的点图上反映了原分类系统的面貌。只要求出主分量，在点图上很容易进行分类，这里也可以再应用图论聚类方法。如何求主分量呢？多元分析理论已经把求主分量归结为求实对称矩阵的特征根与特征向量。这是线性代数中早已彻底解决了的问题。

主分量聚类法发展较早，数学理论比较完整，它常常与图论聚类法结合使用，更能发挥其优越性，因此比系统聚类中许多方法更完整，更细致。它的应用很广，在生物学中也常常用主

分量分析法结合分析特性之间的关系。

信息聚类法 从电信技术中发展起来的数学理论信息论,也被用于聚类分析。信息论中的熵或信息量,这个概念可用来描述类群的离散程度。较好的分类希望得到离散程度较小,倾向于清一色的类群,这就是信息聚类法的基本思想。

离散程度的定义种类很多,常见的有^[16]:

$$H = N \log N - \sum_{i=1}^s n_i \log n_i,$$

或者 $H_{(1)} = \log N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^s n_i \log n_i$

这个公式可以从信息理论中信息量的定义

$$H(P_1, \dots, P_s) = - \sum_{i=1}^s P_i \log P_i,$$

直接导出。早在 50 年代 A. Я. Хинчин^[17] 和 Д. К. Фадеев^[18] 在一定的假设条件下,证明了信息量定义的唯一性。在这个定义基础上的信息理论,内容非常丰富。因此在生物学中应用它所导出的公式,具有充分的理论基础。但是从电信实践发展起来的理论,应用于生物学受到很大的限制。最近 Laxton^[19] 在新的公理下,导出了一套新的理论。逻辑严谨,且又能够适合生物学的需要。

在分子生物学中,蛋白序列中氨基酸的排列, DNA 和 RNA 中核苷酸的排列都与电信编码有着许多共同之处,因此信息聚类法在分子生物学中的应用,一定很有前途。信息聚类法目前已大量应用于生态学。

模糊聚类法 这是当前最年青的一个聚类方法。

1965 年 Zadeh^[20] 在电信与控制论杂志上发表了一篇数学味道很浓的论文,这篇著名的论文第一次建立了模糊集的概念。模糊集的概念非常适合描述生物学中各种“软”现象。论文最后证明了一个重要的定理:

若 A 和 B 是 E^n 上的有界凸模糊集,最大隶属度分别是 M_A 和 M_B [$M_A = \sup_x f_A(x)$, $M_B = \sup_x f_B(x)$], 又设 M 是交 $A \cap B$ 的最大隶

属度,则: A 与 B 的隔离度 $D = 1 - M$ 。

这个定理和隔离度的概念都与聚类的划分思想一脉相通。年青的模糊数学从它一诞生起,就好像天生具有为聚类分析服务的本能。次年 Zadeh 与其他两人又共同发表一篇论文,把模糊理论应用于聚类分析。

模糊数学发展很快,它能够与许多数学理论相结合。近十多年,已向许多数学分支伸展,产生了模糊概率、模糊图论、模糊系统、……。数学领域来了个模糊化;与此相平行,聚类分析理论也带来了模糊化。聚类分析理论得到发展,当前模糊聚类的论文已经有 40 篇以上。从事这方面研究的数学家很多,以 J. Bezdek 的贡献最大。近几年,又有将各种方法与模糊理论综合在一起的新动向,聚类分析的理论将被提高到新的水平。

模糊聚类法仅有十年左右的历史,对它的研究主要在数学理论与方法上,在生物学领域内,大量应用尚没有开展。

分类分析的数学方法很多,举不胜举,新的方法还在不断涌现,现有的方法有待完善和提高,随着各种方法广泛应用,又产生了一系列新的理论问题,如分类的稳定性、收敛性、和最优分类等,都有待数学家和理论生物学家们去解决。分类分析的数学理论正在发展中。

分类分析方法引用了大量的数学工具,有集合论、概率论、统计数学、线性代数、图论、信息论、模糊数学等。

分类分析方法的局限性

分类分析方法虽然把数学方法从无生命向有生命,迈开了具有十分重要意义的一大步,但是它仍然具有很大的局限性。首先,生物现象中无序多态特性表现非常复杂,分类分析方法只能解决其中一部分;其次,分类分析仍然要求特性状态是实数,它的特性数据编码方法并没有十分完善地解决这个问题。这两个“致命”性的缺陷阻碍了分类分析方法在生物学中更广泛地应用,许多生物学问题,分类分析方法无能为力。

变化多端的各种生物特性,组成了一个生物世界的万花筒,我们这篇文章所论及到的数学方法,只不过窥测了它的一角。数学向生物学进一步渗透,还需要创造新的方法,还要有新的突破,生物数学在方法上还有更广阔的领域,有待我们去探索,去发现!

参 考 文 献

- [1] Chytil, M. K.: *Acta Biotheoretica*, 2, 26, p. 137, 1977.
- [2] Leuschner, D.: *Biom. J.*, 7, 19, p. 575, 1977.
- [3] Halmos, P. R.: *Measure theory*, 187, 1950.
- [4] Lotka, A. J.: *Elements of Physical Biology*, 1925.
- [5] 杨纪珂:《科学通报》,1976年,第21期,第348页。
- [6] 汪云九:《科学通报》,1978年,第23期,第459页。
- [7] Frederick E. Smith: *Analysis of ecosystems*, in *Analysis of temperate forest ecosystems*, ed. by David E. R., Springer-Verlag, p. 7—18, 1973.
- [8] Sokal, R. R., and P. H. A. Sneath: *Principles*

- of numerical Taxonomy*, 1963.
- [9] Sokal, R. R., and P. H. A. Sneath: *Numerical Taxonomy*, 1973.
- [10] Lance, G. N., and W. T. Wailliams: *Computer J.*, 9, p. 373, 1967.
- [11] Wishart, D.: *Biom.*, 1, 25, p. 165, 1969.
- [12] Prim, R. C.: *Bell system technical J.*, 6, 36, p. 1389, 1957.
- [13] Kruskal, J. B.: *Proc. Amer. Math. Soc.*, 7, p. 48, 1956.
- [14] Zahn, C. T.: *IEEE Trans. Computers*, C-18, p. 68, 1971.
- [15] Wagner, W. H.: *Recent advances in Botany*, 1961.
- [16] Clifford, H. T., and W. Stephenson: *An introduction to numerical classification*, 1975.
- [17] А. Я. Хинчин: *УМН*, 1, 11, p. 17, 1956.
- [18] Д. К. Фадеев: *УМН*, 1, 11, p. 227, 1956.
- [19] Laxton, R. R.: *J. theoretic Biology*, 1, 70, p. 51, 1978.
- [20] Zadeh, L. A.: *Inform. Control*, 8, p. 338, 1965.

[本文于1979年4月9日收到]

《生物化学与生物物理进展》征稿简则

一、性质与任务

《生物化学与生物物理进展》是以研究和讨论生物化学与生物物理二门学科领域内的理论和实践问题为主要内容,力求提高与普及相结合的学术性中级刊物。读者对象是从事生物化学与生物物理的科研、技术、教学工作,大专学生,研究生,以及科技组织管理干部等。

本刊以马列主义、毛泽东思想为指导,贯彻“双百”方针,密切联系三大革命运动的实际,介绍国内外有关的研究动态、新进展、新知识,交流普及本学科的新成果,新技术和新方法,报道科技消息、科技小资料、名词解释、以及书刊评介等,为实现我国四个现代化服务。

二、写稿须知

1. 文稿力求精练扼要、深入浅出、通俗易懂、文图并茂。

2. 文字一律用钢笔誊写在方格纸上,每个段落开始空二格。字迹务必工整。简体字必须以最新版新华

字典为准。插图用黑墨精确绘制在绘图纸上;图中文字、数字最好用铅印字贴好,或用铅笔书写。图中数字、坐标必须完整、清楚、精确。照片要层次清晰、反差好。文稿中要画出草图或标出图的位置(用铅笔画出图框)并写明图号、图题、图注。

3. 专论、综述性文章一般不超过8,000字,研究工作论文一般不超过5,000字。全译稿本刊不予刊登。文中附图、附表一般各不超过10张。

4. 参考文献应择其主要和最新者(请勿引用未经公开发表的资料),用印刷体书写或打印,一般不超过20条。

参考文献如为期刊,应包括:作者、期刊名称,卷(期),页码,年份。(如 Clifford J. I. et al.: *Biochem. J.*, 102, 65, 1967.)如为图书,应包括:作者,“书名”,页码,年份。

5. 基本度量单位采用国务院颁布的中文公制系统,其它单位采用通用单位,名词术语采用《英汉生物化学词汇》、《英汉生物物理学词汇》。

6. 研究工作论文稿件一律请附本单位推荐信。