

<<单种群生物动力系统>>

图书基本信息

书名：<<单种群生物动力系统>>

13位ISBN编号：9787030217073

10位ISBN编号：7030217071

出版时间：2008-6

出版时间：科学出版社

作者：唐三一，肖燕妮 著

页数：552

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

<<单种群生物动力系统>>

内容概要

生物数学必将成为21世纪最令人兴奋和最有进展的科学领域之一、本书为掌握生物数学的众多研究领域和研究方法提供了一个平台。

本书基于数学、生物学、生命科学和医学等多学科的交融和最新的理论和研究方法，归纳整合种群动力学、流行病动力学、生物经济学、药物动力学、分子生物学和生物统计学等生物数学分支学科内容，系统深入地论述了哲学学科包含地确定性模型和随机模型，结合自身的研究成果并以单种群模型为主线，阐明了各类单种群模型的发展历史、研究内容和最新研究动态及其广泛应用。

本书可供应用数学特别是生物数学、生物统计学、生态学、细胞和分子生物学、药物动力学、生物经济学、流行病动力学、数学建模等专业队教师、研究生以及有关科研人员参考。其中部分内容也可作为有关专业高年级本科生的选修教材。

<<单种群生物动力系统>>

书籍目录

《生物数学丛书》序前言	第一章 单种群模型综述	§ 1.1 单种群模型——生物数学的基石
§ 1.2 单种群模型建立的一般性原理	§ 1.3 单种群生物模型及其分类	§ 1.4 单种群模型发展的基本原理
§ 1.5 单种群模型研究的主要问题	§ 1.6 数学背景知识	第一部分 模型分析
第二章 连续时间单种群模型	§ 2.1 Malthus人口模型	§ 2.2 logistic增长模型
§ 2.3 非自治单种群模型	§ 2.4 单种群时滞模型	§ 2.5 单种群年龄结构和阶段结构模型
§ 2.6 单种群模型的其他研究方向	§ 2.7 结论	第三章 离散时间单种群模型
§ 3.1 离散Malthus和Beverton—Holt模型	§ 3.2 局部稳定性分析——解析方法和图解法	§ 3.3 离散系统的多点环或周期点环
§ 3.4 分叉、混沌和Lyapunov指数	§ 3.5 一般系统的全局稳定性	§ 3.6 非自治单种群模型
§ 3.7 单种群时滞模型	§ 3.8 单种群年龄结构和阶段结构模型	§ 3.9 单种群模型其他研究方向
§ 3.10 结论	第四章 单种群脉冲微分和差分模型	§ 4.1 脉冲微分和差分方程概要
§ 4.2 具有脉冲效应的连续单种群模型	§ 4.3 具有脉冲式生育的单种群阶段结构模型	§ 4.4 具有脉冲的单种群离散模型
§ 4.5 具有脉冲的单种群时滞模型	§ 4.6 结论	第五章 单种群随机模型
§ 5.1 确定性与随机模型	§ 5.2 Poisson过程和Markov链	§ 5.3 单种群增长的线性生灭过程
§ 5.4 具有Logistic增长的生灭过程	§ 5.5 生灭过程的随机模拟方法	§ 5.6 单种群随机微分和差分方程模型
§ 5.7 结论	第二部分 模型应用	第六章 生物资源管理和综合害虫控制
§ 6.1 产量模型与最优收获策略	§ 6.2 非自治连续、离散、脉冲单种群最优收获策略	§ 6.3 季节性收获对阶段结构渔业模型的影响
§ 6.4 渔业资源管理的生物经济学模型	§ 6.5 渔业资源管理中的离散生物经济学模型	§ 6.6 综合害虫治理和生物经济学模型
§ 6.7 结论	第七章 药物动力学——单室模型	§ 7.1 药物动力学基本概念
§ 7.2 药物动力学的速率过程	§ 7.3 单房室模型的解析解	§ 7.4 具有治疗窗口的单室模型
§ 7.5 药效学与病原体动力学	§ 7.6 结论	第八章 传染病动力学——SIR模型
第九章 基因调控网络模型	第三部分 模型确定	第十章 Bayes统计推断和单种群模型确定参考文献

<<单种群生物动力系统>>

章节摘录

第一章 单种群模型综述生物数学是生物学与数学之间的一门新兴边缘学科。

它不仅用数学方法研究和解决生物学问题，也对与生物学有关的数学方法进行深入的理论研究。

数学模型能定量地描述生物现象，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，通过获得的理论知识来对生命或非生命现象进行研究。

比如，描述生物种群增长的连续Logistic方程和离散BevertonHolt模型，就能够比较精确地刻画一些群增长变化的规律；单种群模型对渔业资源的评估，特别是渔业资源的分布、存储水平、开发和利用提供了理论指导和参考价值；通过研究描述两个种群捕食与被捕食关系的Lotka-Volterra方程，从理论上说明农药的滥用，在毒杀害虫的同时也杀死了害虫的天敌，从而常常导致害虫更猖獗地发生；连续时滞Logistic模型、Nicholson时滞模型以及离散时滞模型都能较为准确地预测和拟合Nicholson关于大苍蝇的实验数据等。

这些事实说明了生物数学在其经典研究领域（种群动力学、农业和生态学等）的广泛应用。

近年来，生物学与其他的学科如数学、物理和化学等的交融使其重新焕发了青春。

生物学家们吸收各个学科的研究成果及技术，特别是统计学和计算机科学的最新研究成果，开始了分子层面的研究。

利用数学模型研究癌细胞和细菌的增长、血药浓度、基因调控等细胞和分子生物学、医学特别是生命科学中萌发的数学问题，使生物数学获得一次新的飞跃。

研究对象不再是宏观的有机物或群体，而是微观意义即分子水平下的细胞群体。

随之生物数学新的分支“生物信息学”应运而生，并已成为当今生物数学最炙手可热的研究领域之一。

数学在生物学中的应用研究不仅深入到种群动力系统、流行病动力系统、数量遗传学等生物数学最为经典的领域，也深入到细胞和分子生物学等生命科学的各个研究领域，因此系统介绍生物数学的各个研究领域及其研究方法是十分必要的。

<<单种群生物动力系统>>

编辑推荐

《单种群生物动力系统》可供应用数学特别是生物数学、生物统计学、生态学、细胞和分子生物学、药物动力学、生物经济学、流行病动力学、数学建模等专业队教师、研究生以及有关科研人员参考。其中部分内容也可作为有关专业高年级本科生的选修教材。

<<单种群生物动力系统>>

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介, 请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>