

<<生物入侵的数学模型>>

图书基本信息

书名：<<生物入侵的数学模型>>

13位ISBN编号：9787040330663

10位ISBN编号：7040330660

出版时间：2013-1

出版时间：高等教育出版社

作者：李百炼 等著

页数：266

字数：410000

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>

<<生物入侵的数学模型>>

内容概要

《生物多样性与环境变化丛书：生物入侵的数学模型》主要介绍生物入侵的数学模型最新研究成果，包括种群与群落的非空间动力学模型、反应扩散模型、微分——积分模型、时空离散模型、随机模型、精确解模型以及生物入侵的现实例子。

《生物多样性与环境变化丛书：生物入侵的数学模型》内容充实丰富，数学分析和计算机模拟有机结合，较全面地反映了当前国内外生物入侵动力学的前沿方向和研究趋势。

《生物多样性与环境变化丛书：生物入侵的数学模型》深入浅出，既能使一般读者尽快地熟悉生物入侵的数学模型研究方法，又可以帮助具自一定基础的读者深入研究生物入侵动力学。

本书可供高等院校数学系、生物系和农、林、医等相关专业的本科生、研究生、教师以及有关科技工作者参考使用。

<<生物入侵的数学模型>>

书籍目录

第1章 引言

- 1.1 生物入侵的生态学意义
- 1.2 生物入侵建模的基本方法
- 1.3 国内外研究进展

第2章 种群与群落的非空间动力学模型概述

- 2.1 单种群连续和离散模型
- 2.2 多种群连续和离散模型
- 2.3 病原生物体连续和离散模型

第3章 生物入侵的反应扩散模型

- 3.1 单种群反应扩散模型
 - 3.1.1 同质空间模型
 - 3.1.2 具有对流（趋向性）和移民的同质空间模型
 - 3.1.3 异质空间模型
- 3.2 多种群反应扩散模型
 - 3.2.1 n -系统的空间动力学
 - 3.2.2 多种群单调行波解模型研究
 - 3.2.3 多种群空间斑图动力学
- 3.3 病原生物体反应扩散模型

第4章 生物入侵的微分——积分模型

- 4.1 单种群微分——积分模型
 - 4.1.1 核函数的预测与实际数据
 - 4.1.2 核函数对种群持续和入侵的影响
- 4.2 多种群微分——积分模型
- 4.3 病原生物体微分——积分模型

第5章 生物入侵的时空离散模型

- 5.1 单种群时空离散模型
- 5.2 多种群时空离散模型
- 5.3 病原生物体时空离散模型

第6章 生物入侵的随机模型

- 6.1 单种群随机模型
- 6.2 多种群随机模型
 - 6.2.1 捕食模型
 - 6.2.2 竞争模型
 - 6.2.3 其他模型
- 6.3 病原生物体随机模型

第7章 生物入侵的精确解模型

- 7.1 构造精确解的主要方法
 - 7.1.1 Cole-Hopf变换和Burgers方程
 - 7.1.2 Cole-Hopf变换的进一步应用
 - 7.1.3 线性分段近似方法
- 7.2 Logistic增长和强Allee效应种群模型的精确解
 - 7.2.1 Logistic增长种群的精确解
 - 7.2.2 强Allee效应种群模型的精确解
- 7.3 广义Fisher方程的精确解
 - 7.3.1 解结构假设法

<<生物入侵的数学模型>>

7.3.2 解结构假设法的进一步分析

7.3.3 Ablowitz-Zepetella法

7.4 捕食扩散系统的精确解及其性质

7.4.1 捕食扩散系统的精确解

7.4.2 精确解的性质

7.5 精确解的规范推导

.....

第8章 生物入侵数学模型的应用实例

第9章 附录

参考文献

<<生物入侵的数学模型>>

章节摘录

版权页：插图：8.5口蹄疫的传播 口蹄疫，是由口蹄疫病毒所引起的偶蹄动物的一种急性的传染病。

主要侵害偶蹄兽，偶见于人和其他动物。

口蹄疫是一种以病毒为载体的疾病，主要感染对象为猪、牛等大型偶蹄兽类，老鼠和家兔也是高发种群，潜伏期有几天至半个月不等，接触、空气、食物等均可导致疾病传播。

口蹄疫发病后一般不致死，但会导致病兽口、蹄部出现大量水泡、高热不退，使实际产量锐减。

口蹄疫的病毒通过直接接触受感染的动物传播给易感染动物，或者通过被污染的器物。

动物管理员的外衣或皮肤，动物接触过的水，和未煮过的食物碎屑以及包含感染动物产品的饲料添加剂都可能是病毒的携带源。

可以采用隔离或销毁受感染的牲畜，以及禁止向未有感染疫情的国家出口动物肉类产品，来控制病毒。

口蹄疫是一种传染极快的病毒性畜牧灾害，它的直接后果是：感染的病猪、病牛、病羊一般在20天之内死去。

且其内脏等附属品不能食用，否则将对人类造成身体危害和牲畜食用后的二次感染。

而且，凡感染传播源疫情的地区或国家一般害怕食用其宰杀的猪、牛、羊等肉制品，1997年台湾就大多以销毁为主，最终畜牧和农场主损失惨重。

口蹄疫病流行的时候，并不仅限于猪，而还有羊、牛等所有大牲畜。

人类可能通过接触受感染动物而患口蹄疫，但这种情况很罕见。

口蹄疫病毒对胃酸敏感，所以人类通常不会通过食用肉类感染口蹄疫病毒。

在英国，最后一次确认人类患口蹄疫是在1967年。

在欧洲大陆，非洲以及南美也只有很少感染案例。

口蹄疫感染人类的症状包括发热，呕吐，口腔组织发生红色溃疡腐烂，偶有皮肤小水泡。

因为口蹄疫很少传染人类但在动物间会以非常快的速度传染，所以它对农畜业的危害比对人类健康的危害要大得多。

位于世界各地的农民当口蹄疫疫情流行时可能一年的损失高达10亿美元，其更将导致大量畜类被销毁以及来自牛奶与肉类产品收入的巨幅减少。

8.6狂犬病的传播 狂犬病，是由狂犬病毒感染人而引起的疾病。

人得了狂犬病的症状为急性的脑脊髓炎，临床表现为恐水、怕风、兴奋、咽肌痉挛和进行性瘫痪，最后因呼吸和循环衰竭而导致死亡。

在病毒分类上，该病属弹状病毒科中的狂犬病毒属。

此病毒广泛存在于狗、狼、猫、狐狸等多种家养和野生动物体内，并在这些动物之间传播。

对于人类，病毒的传染源主要是犬。

狂犬病毒的致病性在不同的寄主中会发生变异，从自然感染的生物个体中分离的病毒叫做野生毒株。

巴斯德在1884年用狂犬病毒野生毒株连续在兔的脑内传代，发现该毒株对家兔感染的潜伏期随传代次数的增加而逐渐减小，传至第50代时，感染潜伏期由原来的4周左右减小到4—6天，此时再继续传代，病毒感染潜伏期不再缩短。

巴斯德把这种狂犬病病毒变异株称为固定病株。

巴斯德利用固定病株制成了第一个人工狂犬疫苗。

1885年巴斯德利用他制备的疫苗，成功地解救了一个被狂犬咬伤多处的九岁男孩，这在狂犬病毒研究乃至整个病毒史上都是一个重要的里程碑。

<<生物入侵的数学模型>>

编辑推荐

《生物多样性与环境变化丛书：生物入侵的数学模型》将模型的定性分析、数值计算、计算机模拟和精确解有机结合，深入浅出地向读者展示了生物入侵的研究前沿及成果，准确地阐述基本概念，突出建模思想和方法，注重研究结果的生态学意义和应用价值。写作上力求精炼，内容上力求反映该领域最新的研究进展，希望将有志于生物入侵数学模型研究的读者引入研究前沿。

<<生物入侵的数学模型>>

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>