

• 动态信息 •

生物复杂性研究动态

王莉<sup>1</sup> 南蓬<sup>2,3</sup> 张晓艳<sup>1</sup> 钟扬<sup>1\*</sup>

1 (生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 复旦大学生物多样性科学研究所, 上海 200433)

2 (中国科学院华南植物研究所, 广州 510065) 3 (中国科学院武汉植物研究所, 武汉 430074)

摘要: 生物复杂性( biocomplexity 或 biological complexity )是近年来由 Rita Colwell 等人积极倡导的一个新的学科领域,旨在更好地了解生命系统及其环境组分间的相互作用以及系统复杂性的动态特征与演化机制。目前,生物复杂性的定义与内涵尚不明确,意见纷呈,而有关研究在美国国家科学基金会( NSF )的支持下已迅速开展起来,并即将成为国际合作研究的热点之一。本文简要介绍了有关生物复杂性的不同观点、生物复杂性与生物多样性研究之间的关系,并以若干生态系统和基因组为例,说明了现阶段生物复杂性研究的主要特点。

关键词: 生物复杂性, 生物多样性, 生态系统, 基因组

中图分类号: Q1-0 文献标识码: A 文章编号: 1005-0094(2002)02-0238-05

Advances in biocomplexity studies

WANG Li<sup>1</sup>, NAN Peng<sup>2,3</sup>, ZHANG Xiao-Yan<sup>1</sup>, ZHONG Yang<sup>1\*</sup>

1 Ministry of Education Key Laboratory for Biodiversity Science and Ecological Engineering and Institute of Biodiversity Science, Fudan University, Shanghai 200433

2 South China Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510065

3 Wuhan Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074

**Abstract :** Biocomplexity, or biological complexity, is a new domain proposed by Rita Colwell and her colleagues for better understanding of the interactions among components of complex life systems and dynamic characteristics and evolutionary mechanism of the systems' complexity. Although the concept and definition of biocomplexity remain controversial, various research projects relevant to this field have been undertaken with funding from US National Science Foundation ( NSF ), and a new trend in international collaborative efforts to study life on Earth has been formed. In this paper, different opinions on the concept of biocomplexity and the relationship between biodiversity and biocomplexity studies are introduced briefly. Several projects regarding ecosystems and genomes are also presented to illustrate the main characteristics of biocomplexity studies.

**Key words :** biocomplexity, biodiversity, ecosystem, genome

1 什么是生物复杂性研究

生物复杂性( biocomplexity 或 biological complexity )研究最早由美国著名的海洋学家和微生物学家 Rita Colwell 等提出。Colwell( 1998 )认为,生物复杂性研究旨在了解生命系统及其环境组分( 包括生物的、物理的、化学的和人类的等 )之间的相互作用,掌握生命系统复杂性的动态特征与演化机制。按全球最大的生物学信息机构 BIOSIS 的解释( 参见 <http://www.biosis.org/free-resources/biocomplexity/biocomplexity.htm> ),生物复杂性科学( science of biocomplexity )主要

探索在一些传统学科间交叉的问题。准确地说,是寻求以定量和整合的途径来深入了解各种生命系统之间复杂的相互作用,其中既包括生物的、行为的、化学的和物理的相互作用,也包括生态的、环境的和社会的综合作用等。

依上述解释可能很容易将生物复杂性科学与生态学或环境科学相等同。诚然,现阶段许多生物复杂性研究仅涉及生态系统建模以及预测人类活动对环境的影响等内容。但 Emmett( 2000 )认为,生物复杂性研究作为一个新的学科领域,应超出生物多样性科学和传统生态学的范畴,至少是一

基金项目: 国家自然科学基金重大项目“中国关键地区生物多样性保育的研究”(批准号: 39893360)

谨以此文怀念已故的青岛海洋大学徐怀恕教授,他向作者详细介绍了 Rita Colwell 的工作。

收稿日期: 2001-07-16; 接受日期: 2002-03-25

作者简介: 王莉,女,1977 年出生。从事生物多样性与生物复杂性研究,现为复旦大学生命科学学院硕士研究生。

\* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: yangzhong@fudan.edu.cn

种“原”生态学(“ meta-ecology ”)。换言之,它是一种“连接所有相关事物的”研究,包括全球系统、生物和非生物因子以及它们之间的相互作用。在方法论上,生物复杂性研究也与其他复杂性研究存在相似之处,即应用定性判断与定量计算相结合、微观分析与宏观分析相结合、还原论与整体论相结合的方法来研究复杂系统及其复杂性(戴汝为,沙飞,1995;成思危,1999)。不同之处在于,生物复杂性研究着重揭示复杂生命系统的构成原因、演化过程以及未来发展趋势( Goldenfeld & Kadanoff, 1999; Parrish & Edelstein-Keshet, 1999; Rind, 1999)。

事实上,人们对生物的复杂性早有认识,并已对此进行了持续多年的讨论( Saunders & Ho, 1981; Hinegardner & Enggelberg, 1983)。然而,有关研究明显受到所属学科的限制。例如,生态系统是一种典型的复杂系统,人们一直试图了解群落和生态系统水平上的复杂性与稳定性之间的关系,近年来才开始应用复杂性科学的原理和方法来研究生态系统内不同层次的结构和功能。这里,生态系统被看作一种适应性复杂系统( adaptive complex system ),处于混沌的边缘或临界态,其内部作用是生态系统复杂化、有序化及自组织的主要动力。研究方法包括元胞自动机( cellular automata )和遗传算法( genetic algorithm )等( 张知彬等, 1998 )。目前,“环境中的生物复杂性”已成为生物复杂性研究的前沿方向,进一步促进了生态系统中生物有机体与外部环境在不同时间与空间尺度上交互作用的研究( Dybas 2001; Lewis 2001 )。

然而,一批学者对目前的生物复杂性研究持有不同意见,并由此引发了一场“生物复杂性到底是一个新的科学领

域,还是仅仅是一个时髦词汇?”的争论。例如,美国佛罗里达大学生态学与保护生物学家、《 Conservation Biology 》杂志的主编 Gary Meffe 认为,生物复杂性的概念是完全不必要的,生物复杂性研究所涉及的内容早已为大家所熟知。津巴布韦国家历史博物馆的 Cotterill 博士则认为生物复杂性的概念是由一些交叉科学领域的“新手”提出的,这些交叉科学研究从化学开始,扩展到地球科学和生命科学的各个方面,实际上并没有包含多少新的理论方法。但几乎所有的人都认为,生物复杂性问题的确能获得大量研究经费的支持( Powledge 2001 )。

## 2 生物复杂性与生物多样性研究

生物复杂性研究仅初现端倪,目前还很难清楚地阐明它与生物多样性研究之间的关系。生物多样性科学的先驱者之一、美国密苏里植物园主任 Peter Raven 认为,生物复杂性应包括物种的遗传变异和群落、生态系统以及它们之间的所有关系(如系统发育关系)。在某种程度上,它就是所谓的“生命网( the web of life )”或“全球生态系统( global ecosystem )”。Raven 希望生物复杂性研究能为生物多样性科学的发展带来新的契机( Powledge 2001 )。Rita Colwell 则强调现阶段生物复杂性研究是围绕生物多样性、濒危物种和保护生物学以及定量分析与建模等问题开展起来的,需要融合有关环境系统的知识和各种系统分析的方法( Lewis 2001 )。

我们对一般意义上的生物多样性与生物复杂性研究进行了一个十分粗略的比较(见表1)。两者从基本概念到研究内容均有许多相同之处,但研究方法上还是存在一定差

表1 生物复杂性与生物多样性研究  
Table 1 A comparison between biocomplexity and biodiversity

	生物复杂性 Biocomplexity	生物多样性 Biodiversity
概念 Concept	所有的生命系统与其环境之间复杂的相互作用 Interplay between all living systems and their environment	生物及其与环境形成的生态复合体以及与此相关的各种生态过程,包括动物、植物、微生物和它们所拥有的基因以及它们与生存环境形成的生态系统 The variety of all life forms: the different plants, animals and microorganisms, their genes and the ecosystems of which they are a part
目标 Objective	解释并预测这些相互作用所产生的结果 To explain and ultimately predict the outcome of some interactions (a) 生命系统的相互作用 Interplay of living systems (b) 预测适应和变化 Prediction of adaptation and changes	评价、保护和利用生物资源,保证生物多样性的可持续发展 To evaluate, protect and utilize biology resources, and ensure the sustainable development of biodiversity (a) 生物多样性调查与编目 Investigation and catalogue of biodiversity (b) 人类活动对生物多样性的影响 Effects of human activities on biodiversity
科学问题与研究内容 Scientific question and research content	(c) 气候的变化对物种变异的影响 Effect of climate changes on species variations (d) 预测自然因素与社会经济变化的共同影响 To forecast the nature and socioeconomic changes (e) 复杂性对系统稳定性的影响等 Effect of complexity on system stability	(c) 生物多样性的生态系统功能 Ecosystem functions of biodiversity (d) 生物多样性的长期动态监测 Long-term dynamic monitoring of biodiversity (e) 濒危物种的保护生物学 Conservation biology of endangered species
核心方法 Core methods	(a) 非线性分析 Nonlinear analysis (b) 遗传网络分析等 Genetic network analysis	(a) 生物多样性编目 Catalogue of biodiversity (b) 物种多样性指数 Indices of species diversity (c) 遗传多样性测度 Measurement of genetic diversity

异。举一个简单的例子,研究群落中的物种多样性需要调查不同物种及其数目,常用的多样性指数包括物种多样性指数(Shannon-Wiener index,  $H'$ )和物种均匀度指数(evenness index,  $J'$ ) (马克平,1994;Purvis & Hector, 2000):

$$H' = - \sum P_i \log P_i$$
$$J' = ( - \sum P_i \log P_i ) / \log S$$

其中,  $P_i$  为某一物种在群落中出现的概率(频率),  $S$  为物种总数。

生物复杂性研究既要考虑物种的数目,也要考虑物种之间的相互关系。例如,可以计算物种间的连通性(connectivity,  $C$ ) (Klomp & Green, 1996; Thieffry *et al.*, 1998):

$$C = 2L / [N(N-1)]$$

其中,  $L$  为营养链数目,  $N$  为物种数。 $C$  值越大,群落的复杂度越高。

在实际工作中,应当从更广的意义上来考虑群落复杂性。例如,李镇清(2000)将群落总复杂性分解为基于无序的复杂性和结构复杂性,并以群落的2个原始数据——群落组分(例如种群)数和各组分个体的比例分布为基础,用最小剩余码的平均码长  $I(S)$  作为群落总复杂性的测度:

$$I(S) = \sum_{j=1}^q P_j I_j$$

其中,  $I_j$  为物种  $S$  的相对多度的霍夫曼码长,  $q$  为物种数,  $P_j$  满足  $\sum_{j=1}^q P_j = 1$ 。

虽然生物多样性与生物复杂性的测度并不相同,但两者可以互相补充和综合。例如,生态系统的稳定性与多样性和复杂性均相关,因而不同测度之间的比较可以为该领域的研究提供更加全面的信息。

### 3 生物复杂性研究的若干实例和主要特点

1998年,Rita Colwell由美国科学促进会(American Association for the Advancement of Science, AAAS)主席转任美国国家科学基金会(National Science Foundation, NSF)主任。在她的大力推动下,生物复杂性研究迅速成为NSF资助的一个新方向。1999年NSF开始对生物复杂性研究项目进行首期资助。2000年起,相关研究的启动经费就超过5000万美元,有关国际合作也已经逐步立项。其中“环境中的生物复杂性”是NSF现阶段资助的主题,包括利用大型计算机研究生态系统中生物(包括人类)与环境之间的相互关系,建立生态系统的动态预测模型,阐明燃烧的雨林、变薄的臭氧层等与全球变暖之间的相互联系等项目。涉及的相关学科领域则包括生命科学、环境科学、地球科学、计算机和信息科学、数理科学、社会和行为科学等。有兴趣的读者可访问NSF网站(<http://www.nsf.gov/home/crssprgm/be/>)。

除NSF的生物复杂性研究专项外,还有许多相关领域与研究项目。我国国家自然科学基金委员会也设有“复杂性科学研究专款项目”,其中“生态系统、生命系统与认知系统的

复杂性”为鼓励研究方向之一。下面,我们简要介绍若干实例,说明生物复杂性研究的主要特点与趋势。

#### 3.1 外来种入侵

在美国东海岸,大米草属的平滑网茅(*Spartina alterniflora*)受到普遍欢迎。这种快速生长的湿地植物形成密集的隔板,既有利于稳定湿地基质,又能吸收沉淀物并过滤重金属,为水鸟及其他动物提供栖息地和食物。但在西海岸,情况却大不相同。19世纪末期该物种被无意识地引进后,对当地物种和沿海滩涂生态系统构成了严重威胁。加州大学戴维斯分校的Alan Hastings等人结合历史记录、航空摄影、水文学、哺乳动物、昆虫和鸟类方面的数据,构建平滑网茅入侵的动态模型,进而评价生物入侵对当地生态系统的影响。目前该项研究仍在进行之中,这一工作将改善以往同类研究中存在的信息不全问题。Hastings认为,建立这样一个复杂的外来种入侵模型,至少需要5年时间。

#### 3.2 红树林中的营养分布

红树林生态系统占据了世界上绝大多数热带和亚热带海岸,与珊瑚礁的地理分布平行。这种生态系统同时受到来自陆地、海洋和天空的环境因子,特别是洪水、盐分、光照和营养状况的剧烈波动的影响。在加勒比海珊瑚礁生态系统计划(CCRE)中,红树林的生物复杂性研究是一个极为重要的组成部分。史密斯森热带研究所(STRI)的Klaus Ruetzler领导的研究组利用Carrie Bow珊瑚礁岛上海洋定位站的大量资料,研究了红树林生态系统中微生物与营养成分之间的相互关系。他们对伯里兹、佛罗里达和巴拿马的长期定位观察所获得的数据进行了非线性分析,结果表明营养物质在红树林群落之间和群落内部并非均匀分布;土壤肥力从氮到磷沿狭窄的空间梯度变化;人为的营养富集是主要因子。该项研究阐明了自然、农业、水产养殖和城市污染源的变化对红树林生态系统中各成分之间脆弱平衡的影响程度,也说明了网络分析方法有助于综合相关学科的发现以及模拟生物的复杂性。

#### 3.3 森林群落的复杂性测度

如前所述,群落多样性和复杂性之间既有联系,也有差异。李镇清(2000)应用通讯理论中的最小剩余码来研究中国东北样带(NECT)森林群落的复杂性和多样性,即用最小剩余码的平均码长作为群落总复杂性测度,并分别用最小剩余码的平均码长、Shannon-Wiener熵、Renyi广义熵作为基于无序的复杂性测度;将总复杂性和基于无序的复杂性之差作为组织复杂性或群落结构复杂性的测度。采用这些不同测度,研究了中国东北样带典型植物群落的 $\alpha$ -多样性、总复杂性和结构复杂性及其沿中国东北样带的变化趋势。结果表明,干扰相对较少的围栏割草地群落具有较高的结构多样性,而一些过度放牧的极端退化草地的结构多样性都很低,而总复杂性与基于无序的复杂性之差作为群落结构多样性的测度也是合适的(李镇清,2000)。

3.4 疟疾传播

路易斯安那州杜兰大学医学昆虫学家 John Beier 主持的 NSF 生物复杂性项目与肯尼亚的疟疾传播有关。Beier 发现，现阶段研究非洲疟蚊( *Anopheles gambiae* )的学者通常只在乡间进行调查，缺乏蚊子在城市活动的资料。然而，预计 10 年内将有相当大一部分的肯尼亚人口迁移到城市中，而城区的疟蚊数量也将逐渐增加。疟蚊是怎样适应城市化过程并与人类在城市中共存的呢？目前，该项目组的研究人员正沿着肯尼亚两个城市的街区开始进行调查，并结合航空摄影数据来了解和预测疟蚊的迁移途径。

夏威夷大学的 David Duff 也在 NSF 生物复杂性基金资助下，开展了一个既涉及疟疾传播又涉及外来种入侵的项目。几年前，由疟蚊引起的鸟类疟疾被意外传播到了夏威夷，这已成为研究生物入侵影响当地生态系统的一个重要例子。该项目运用非线性系统分析和计算机模拟方法，通过模拟气候、海拔、水文和植被的动态变化来研究寄生虫与宿主之间的关系。同时，根据入侵种与土著种的种群动态变化特征，结合地理信息系统( GIS )数据来构建复杂性模型。Duffy 认为，生物复杂性研究能使人们逐步了解以前很难深入了解的某些复杂系统。

3.5 基因组研究

目前，人们已经开始基因组水平的生物复杂性研究。2001 年 2 月 15 日和 16 日《Nature》和《Science》相继发表了关于人类基因组的研究报告。参与人类基因组计划的 6 国科学家宣布了有关人类基因组的初步研究结果，其中一项内容引起了公众和媒体的广泛关注，这就是：人类基因的数目为什么不是原来预计的 8 万至 10 万个，而只有 3.5 万个左右呢( Collins *et al.* 2001 ;Venter *et al.* 2001 )？

按传统观念假设：真核生物的基因应多于原核生物，动物多于植物，脊椎动物多于无脊椎动物( Smith & Szathmary , 1995 )。但令人惊讶的是，秀丽隐杆线虫( *Caenorhabditis elegans* )约有 18 424 个基因，黑腹果蝇( *Drosophila melanogaster* )有 13 601 个基因，拟南芥( *Arabidopsis thaliana* )有 25 498 个基因，而人类则有 35 000 个基因。这就意味着我们不能用基因的数目来度量生物复杂性，而必须采用其他的标准。

表 2 示出了若干遗传网络与生物复杂性的测度( Higashi & Burns , 1991 ;Szathmary *et al.* 2001 )。Claverie( 2001 )建议用编码转录因子( transcription factor )的基因数目来衡量生物复杂性。对于所有的转录因子家族，编码它们的基因数目确实按酵母( 275 个 )、线虫( 500 个 )、果蝇( 约 700 个 )和人类( 超过 2000 个 )的顺序递增( Tupler *et al.* 2001 )。然而，编码植物转录因子的基因数远远超过 1500 个( Riechmann *et al.* ,

表 2 遗传网络与生物复杂性测度( Higashi & Burns , 1991 ;Szathmary *et al.* 2001 )

Table 2 Genetic networks and biocomplexity measurement

指数 Index	尺度 Scale	说明 Relevance
节点数目 :N Number of nodes , N	全局 Global	一个遗传网络中相关基因的数目 Number of relevant genes in a genetic network
连接数目 :L Number of links , L	全局 Global	基因交互作用的数目 Number of gene interactions
连通性 :C = 2L/[ N( N - 1 ) ] Connectivity , C = 2L/[ N( N - 1 ) ]	全局 Global	可能的基因交互作用的实分维 Realized fraction of possible gene interactions
入度 :D <sub>in</sub> In-degree , D <sub>in</sub>	局部 Local	影响一个特定基因的基因数目 Number of genes affecting a particular gene
出度 :D <sub>out</sub> Out-degree , D <sub>out</sub>	局部 Local	由一个特定基因影响的基因数目 Number of genes affected by a particular gene
度 :D Degree , D	局部 Local	直接与一个特定基因交互作用的基因数目 Number of genes directly interacting with a particular gene
平均度 :D <sub>av</sub> Average degree , D <sub>av</sub>	全局 Global	每个基因平均交互作用的数目 Average number of gene interactions per gene
异质性( 度的标准误 ) Heterogeneity ( the standard deviation of degrees )	全局 Global	基因间连接分布的均匀度 Evenness of link distribution among genes
聚类系数 :CC Clustering coefficient , CC	全局 Global	调控子网络间的紧密连接 Appearance of tightly connected regulatory subnetworks
平均距离 :D <sub>av</sub> = [ Σ d <sub>ij</sub> ] / [ N( N - 1 ) ] Average distance , D <sub>av</sub> = [ Σ d <sub>ij</sub> ] / [ N( N - 1 ) ]	全局 Global	2 个随机挑选的基因交流步骤的数目 Number of communication steps between two randomly chosen genes
弧连通性 Arc connectivity	全局 Global	一个非连通网络中基因交互作用的最小数目 Minimal number of gene interactions whose deletion results in a disconnected network
节点连通性 Node connectivity	全局 Global	一个非连通网络中基因的最小数目 Minimal number of genes whose deletion results in a disconnected network

2001),能由此认为植物比脊椎动物更复杂吗?如果不能,怎样才能比较植物和动物的基因复杂性呢?事实上,植物转录因子的多样性可以由植物的特殊性来解释,25%的植物基因与特殊的次级代谢相关联,而这些次级代谢在动物界是不存在的(Messing 2001)。人们已经发现,植物依靠次级代谢的基因控制和合成来维持其多样性与复杂性,而在脊椎动物中则存在着两个高度复杂的子系统——免疫系统和神经系统。这两个系统都能存储大量的基于一套固定规则的信息,并在此基础上进行基因调控。因而,对免疫系统和神经系统的深入研究也将有助于人们了解有限的基因如何组成高度复杂的生命系统(Gerhart & Kirschner,1997)。

3.6 特点与趋势

生物复杂性研究还仅仅是一个开端,目前的工作体现了如下几个方面的特点和趋势:

1) 尽管复杂性是自然界中极为普遍的现象,而跨越多个数量级的生物系统的普适标度率也是人们长期追求的目标(Whitfield 2001),但迄今为止并未发现一种复杂性的普遍度量。复杂性研究必须秉持具体问题具体分析的原则,研究生物复杂性问题更是如此。需要在大量观察与长期积累的基础上才有可能获得统计学意义上的规律。

2) 生物复杂性研究中所依赖的数据通常具有3种特性:不确定性(uncertainty)、弹性(resiliency)和脆弱性(vulnerability)。例如,环境系统通常趋向于非线性,很难预测(Lewis 2001)。在实际研究中,可以借鉴复杂性科学和其他领域中较为成熟的方法论工具,但分析结果时必须充分考虑数据的特殊性。

3) 近来,Rita Colwell 特别强调了生物复杂性研究应促进系统分析与分子技术之间的融合(Lewis,2001)。前者是生物复杂性研究的基本方法,它有利于解决传统研究方法难以处理的信息整合问题;后者则是整个生命科学发展的核心技术。随着越来越多的基因组全序列测序的完成和生物信息学技术的发展,将会产生更多更有效的方法来探索生物复杂性(Szathmary *et al.* 2001)。

致谢:郝柏林院士和张亮博士提供指导和建议,谨致谢忱。

参考文献

成思危,1999. 复杂性科学探索. 北京:民主与建设出版社  
戴汝为,沙飞,1995. 复杂性问题研究综述. 自然杂志, 17 (2): 73 ~ 78  
李镇清,2000. 中国东北样带(NECT)植物群落复杂性多样性研究. 植物学报, 42(9): 971 ~ 978  
马克平,1994. 生物群落多样性的测度方法. 见:中国科学院生物多样性委员会(编),生物多样性研究的原理与方法. 中国科学技术出版社, 141 ~ 165  
张知彬,王祖望,李典谟,1998. 生态复杂性研究——综述与展望. 生态学报, 18(4): 433 ~ 441

Claverie J M, 2001. What if there are only 30,000 human genes? *Science*, **291**: 1255 ~ 1257  
Collins F *et al.*, 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, **409**: 860 ~ 921  
Colwell R, 1998. Balancing the biocomplexity of the planet's living systems: a twenty-first century task for science. *BioScience*, **48**: 786 ~ 787  
Dybas C L, 2001. From biodiversity to biocomplexity: a multi-disciplinary step toward understanding our environment. *BioScience*, **51**: 426 ~ 431  
Emmett A, 2000. Biocomplexity: a new science for survival? *The Scientist*, **14**: 1 ~ 3  
Gerhart J and M Kirschner, 1997. Cells, Embryos and Evolution. Blackwell, Oxford  
Goldenfeld N and L P Kadanoff, 1999. Simple lessons from complexity. *Science*, **284**: 87 ~ 89  
Higashi M and T P Burns, 1991. Theoretical Studies of Ecosystems: the Network Perspective. Cambridge University Press, Cambridge  
Hinegardner R and J Engelberg, 1983. Biological complexity. *Journal of Theoretical Biology*, **104**: 7 ~ 20  
Klomp N I and D G Green, 1996. Complexity and connectivity in ecosystems. Complexity International 3 (<http://www.csu.edu.au/ci/vol03/klomp/klomp.html>)  
Lewis R, 2001. NSF funding research in biocomplexity. *The Scientist*, **15**: 1  
Messing J, 2001. Do plants have more genes than humans? *Trends in Plant Science*, **6**: 196  
Parrish J K and L Edelstein-Keshet, 1999. Complexity, pattern, and evolutionary trade-offs in animal aggregation. *Science*, **284**: 99 ~ 101  
Powledge F, 2001. Biocomplexity: new way to do science, or just another buzzword? *HMS Beagle*, 103  
Purvis A and A Hector, 2000. Getting the measure of biodiversity. *Nature*, **405**: 212 ~ 219  
Riechmann J L, J Heard, G Martin, L Reuber, C Jiang, J Keddie, L Adam, O Pineda, O J Ratcliffe, R R Samaha, R Creelman, M Pilgrim, P Broun, J Z Zhang, D Ghandehari, B K Sherman and G Yu, 2000. Arabidopsis transcription factors: genome-wide comparative analysis among eukaryotes. *Science*, **290**: 2105  
Rind D, 1999. Complexity and climate. *Science*, **284**: 105 ~ 107  
Saunders P T and M W Ho, 1981. On the increase in complexity in evolution. *Journal of Theoretical Biology*, **90**: 515 ~ 530  
Smith J M and E Szathmary, 1995. The Major Transitions in Evolution. Oxford University Press, Oxford  
Szathmary E, F Jordan and C Pal, 2001. Can genes explain biological complexity? *Science*, **292**: 1315 ~ 1316  
Thieffry D, A M Huerta, E Pérez-Rueda and J Collado-Vides, 1998. Characterization of the transcriptional regulatory network of *Escherichia coli*. *BioEssays*, **20**: 433 ~ 440  
Tupler R, G Perini and M R Green, 2001. Expressing the human genome. *Nature*, **409**: 832 ~ 833  
Venter J C *et al.*, 2001. The sequence of the human genome. *Science*, **291**: 1304 ~ 1351  
Whitfield J, 2001. All creatures great and small. *Nature*, **413**: 342 ~ 344